OM nucleic - nucleic search, using sw model

```
                    GenCore version 5.1.6
          Copyright (c) 1993 - 2004 Compugen Ltd.

Run on:      August 10, 2004, 13:51:42 ; Search time 1294 Seconds
                                          (without alignments)
                                          11966.524 Million cell updates/sec

Title:        US-09-875-228-1_COPY_5976_9620
Perfect score: 3645
Sequence:     1 ggccccaataattgttaag.........ggaggaggctgtggactggc 3645

Scoring table: OLIGO_NUC
              Gapop 60.0 , Gapext 60.0

Searched:     3373863 seqs, 2124099041 residues

Word size :   150

Total number of hits satisfying chosen parameters:        17

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Listing first 250 summaries

Database :    N_Geneseq_29Jan04:*
              1: geneseqn1980s:*
              2: geneseqn1990s:*
              3: geneseqn2000s:*
              4: geneseqn2001as:*
              5: geneseqn2001bs:*
              6: geneseqn2002s:*
              7: geneseqn2003as:*
              8: geneseqn2003bs:*
              9: geneseqn2003cs:*
             10: geneseqn2004s:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match Length	DB	ID	Description
1	3645	100.0	12047	2	AAV17618	Aav17618 Homo sapi
2	3645	100.0	12047	2	AAZ06489	Human gla
3	3645	100.0	12047	2	AAZ99934	DNA seque
4	3645	100.0	12047	3	AAA46852	Nucleotid
5	3645	100.0	12047	3	AAH43617	Human gla
6	3645	100.0	12047	5	AAF87248	Human gla
7	3645	100.0	12047	6	ABK99584	Mucin tra
8	3645	100.0	12047	7	ACD07307	Human gla
9	3400	93.3	12047	2	AAX24755	Human gla
10	1172	32.2	1172	2	AAX24772	Human gla
11	1172	32.2	1172	2	AAZ06494	hKLK2 enh
12	1114	30.6	1558	3	AAZ94285	Human pro
13	993	27.2	1172	2	AAX24774	Human gla
14	993	27.2	1172	2	AAX24773	Human gla
15	993	27.2	1172	2	AAZ06495	hKLK2 enh
16	993	27.2	1172	2	AAZ06496	hKLK2 enh
17	204	5.6	204	5	AAF82694	Glandular

ALIGNMENTS

RESULT 1

```
AAV17618
ID   AAV17618 standard; DNA; 12047 BP.
XX
AC   AAV17618;
XX
DT   25-MAR-2003  (revised)
DT   21-JUL-1998  (first entry)
XX
DE   Homo sapiens glandular kallikrein-1 promoter region.
XX
KW   Promoter; enhancer; 5' non-coding region; hKLK2; kallikrein; hGK-1; PSA;
KW   prostate specific antigen; prostate cancer; treatment; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   enhancer        6859..8627
FT                   /*tag= a
FT                   /note= "enhancer active fragment"
FT   promoter        11420..12047
FT                   /*tag= b
FT                   /note= "promoter active fragment"
FT   mRNA            12013..12047
FT                   /*tag= c
FT                   /note= "transcription initiation at 12013"
XX
PN   WO9805797-A1.
XX
PD   12-FEB-1998.
XX
PF   06-AUG-1997;    97WO-US013888.
XX
PR   06-AUG-1996;    96US-00692759.
PR   04-AUG-1997;    97US-00906192.
XX
PA   (CALY-) CALYDON.
XX
PI   Henderson DR,  Schuur ER,  Lamparski HG,  Yu D;
XX
DR   WPI; 1998-145628/13.
XX
PT   Screening drugs for treatment of prostate cancer - uses prostate specific
PT   antigen expressing cells.
XX
PS   Disclosure; Page 25-28; 44pp; English.
XX
CC   The sequence is that of the non-coding region of human glandular
CC   kallikrein-1 (hKLK2) which contains promoter and enhancer active regions.
CC   This transcription initiation regulatory region can be used as part of a
CC   method for screening drugs for the treatment of prostate cancer employing
CC   prostate specific antigen (PSA) expressing cells comprising an expression
CC   construct which comprises a transcriptional initiation region of the PSA
CC   enhancer, a promoter and a gene whose expression product provides a
CC   detectable signal, where the gene is under the transcriptional control of
CC   the initiation region, comprises: (a) combining the PSA expressing cells
CC   with a candidate drug in the presence of an androgen for sufficient time
CC   for detectable expression of the gene, and (b) detecting the level of
CC   expression of the gene as compared to the level of expression in the
CC   absence of the candidate drug. The method can be used to evaluate the
CC   potential of a compound as a therapeutic agent for the treatment of
CC   prostate cancer. Particularly, anti-androgenic activity can be evaluated
CC   as indicative of therapeutic effects for prostate cancer, although any
CC   compound which modifies the expression of a prostate-specific gene may be
CC   considered a candidate compound. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PR
CC   field.)
XX
SQ   Sequence 12047 BP; 3051 A; 2484 C; 2869 G; 3643 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 3645;  DB 2;  Length 12047;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 3645;  Conservative  0;  Mismatches  0;  Indels  0;  Gaps  0;

Qy        1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA 60
```

```
Db  5976 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      6035
          GGCCCTTCAATAATTGTTAAAGAGTGTAAAATGTGTCCAAAGATGGAAATGTTTGAGAACTA
Qy    61 CTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT     120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6036 CTGTCCCAGAGATTTTCCTCAGAGTTCTCAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT  6095

Qy   121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTCATGGGGCTGAAGTCTTGGCTTCAGCAGTTGGG          180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6096 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTCATGGGGCTGAAGTCTTGGCTTCAGCAGTTGGG         6155

Qy   181 GTTGGGCTTCCGGAGCACATATTGCGACGTGTGATTGGGGTTTGGTATTTGC          240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6156 GTTGGGCTTCCGGAGCCACAGTATTTGCGACGTGTGATTGGGGTTTGGTATTTGC        6215

Qy   241 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAAATCTGAAATCTGTGGTCAGAAATTCT  300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6216 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAAATCTGAAATCTGTGGTCAGAAATTCT  6275

Qy   301 ATTATCTTGAGTAGGACATCCCAGTTCCCAGTTCTGCCTTCTCTAGGGCTTGGAGTCTGTAGT 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6276 ATTATCTTGAGTGAGGACATCCCAGTTCCCAGTTCTGCCTTCTCTAGGGCTTGGAGTCTGTAGT 6335

Qy   361 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT     420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6336 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT    6395

Qy   421 CAACCAAAACAACCGAATAAACAATTAGAACCTTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA    480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6396 CAACCAAAACAACCGAATAAACAATTAGAACCTTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA   6455

Qy   481 ACCTAGGATTTCTGTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACAT    540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6456 ACCTAGGATTTCTGTTAATAGGTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACAT 6515

Qy   541 TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCAATATATTCCCTGGATT    600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6516 TCCTTCTTTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCAATATATTCCCTGGATT 6575

Qy   601 CTACCTATATATGTGGCTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCCTGCAGAAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6576 CTACCTATATATGTGGCTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCCTGCAGAAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 6635

Qy   661 CATTCTTTTACTTCTGACATCAATTGGAATGAAAAGACTCAGCAAGTCCAATCATGGCAGT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6636 CATTCTTTTACTTCTGACATCAATTGGAATGAAAAGACTCAGCAAGTCCAATCATGGCAGT 6695

Qy   721 TGGCCCTTACTTGCTGGTAGCCCTCATATAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGTTGCAAG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6696 TGGCCCTTACTTGCTGGTAGCCCTCATATAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGTTGCAAG 6755

Qy   781 TCAGTGATTGCTGGTAGCCTTGGTTGCACAGACATGTGCACAGACATGTGCATGGGCTATGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6756 TCAGTGATTGCTGGTAGCCTTGGTTGCACAGACATGTGCACAGACATGTGCATGGGCTATGG 6815

Qy   841 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6816 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA 6875

Qy   901 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGTGGAAA 960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6876 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGTGGAAA 6935

Qy   961 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTATTGCATTTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC 1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6936 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTATTGCATTTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC 6995

Qy  1021 TCAACTGAGCCTTAGTTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG       1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6996 TCAACTGAGCCTTAGTTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG      7055

Qy  1081 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTGATAGGCTCGTAACCCAACATT        1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7056 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTGATAGGCTCGTAACCCAACATT       7115

Qy  1141 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG   1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7116 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG  7175

Qy  1201 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC   1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7176 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC  7235

Qy  1261 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCACACTCCTTCACAGGGTT    1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7236 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCACCACTCCTTCACAGGGTT   7295

Qy  1321 ATTGTGAGATCAAATGTCATGTGTGTGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGA       1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7296 ATTGTGAGATCAAATGTCATGTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGTGGAGA    7355

Qy  1381 GTGACTTCTATGTGTGTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTTCAG   1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7356 GTGACTTCATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTTCAG  7415

Qy  1441 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGCACTACTAGCCTC   1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7416 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGCACTACTAGCCTC  7475

Qy  1501 ATTTGACAGGAAAAGACTGTGATAAGAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT      1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7476 ATTTGACAGGAAAAGGACTGTGATAAGAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT     7535

Qy  1561 GGATGCAAGGGGTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG   1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7536 GGATGCAAGGGGTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  7595

Qy  1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT   1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7596 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT  7655

Qy  1681 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTAGTGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC  1740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7656 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTAGTGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC 7715

Qy  1741 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCTCCAGCTG 1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7716 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCTCCAGCTG 7775

Qy  1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGGGAGTTCGCCAAGACTCCGGTGGTCACAGGGGAGAAAA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGGGAGTTCGCCAAGACTCCGGTGGTCACAGGGGAGAAAA 7835

Qy  1861 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGTGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG   1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7836 AAAAAAAGAACTCTGAAAGAGTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  7895

Qy  1921 CCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAACTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATT 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7896 CCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAACTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATT 7955

Qy  1981 CCACAGCTCAAGGAGGCAGCATGAACTTTGTTGTTGTTGGTGGATGGACACAGGGGTTGTGGCAAAGTGAG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7956 CCACAGCTCAAGGAGGCAGCATGAACTTTGTTGTTGTTGGTGGATGGACACAGGGGTTGTGGCAAAGTGAG 8015

Qy  2041 CATATGGGATGATGATCAGAGCAGTTCAGTGAGCAGTTCAGGTGGAGTTGTGGCAAGTGAG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8016 CATATGGGATGATGATCAGAGCAGTTCAGTGAGCAGTTCAGGTGGAGTTGTGGCAAAGTGAG 8075

Qy  2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8076 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 8135

Qy  2161 TGTATCTGACGGAGATATTACTCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACTACTTCTGGAGGAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8136 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACTACTTCTGGAGGAA 8195
```

```
Qy  2221 CATATTGTATTTATTGTCCGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8196 CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy  2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 8315

Qy  2341 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTTGCT 2400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8316 GCTGTACAAATATGCTTGAAATAGTGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTTGCT 8375

Qy  2401 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8376 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 8435

Qy  2461 AGAGCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTCTCTACCA 2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8436 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTCTCTACCA 8495

Qy  2521 CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTCTAGTCCAGTTCCCCACCATGTTGGCA 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8496 CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTCTAGTCCAGTTCCCCACCATGTTTGGCA 8555

Qy  2581 GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGACATGGGTGG 2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8556 GTGCCCCACTGCCAACCCCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGACATGGGTGG 8615

Qy  2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8616 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCGAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 8675

Qy  2701 AAGAGGCTGGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGAGGAATGGCTTCTGAACTCTTAAATCC 2760
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8676 AAGAGGCTGGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGAGGAATGGCTTCTGAACTCTTAAATCC 8735

Qy  2761 CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGGAATGGCCTGAG 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8736 CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGGAATGGCCTGAG 8795

Qy  2821 AGGTTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8796 AGGTTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC 8855

Qy  2881 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGTGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8856 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGTGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 8915

Qy  2941 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGGAAGGTAATGGGATCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8916 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGGAAGGTAATGGGATCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 8975

Qy  3001 GAGAGTTGCCATGCTTTGATCTTTCCATCTACTACTACCTTGAGGGTTAATCACC 3060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8976 GAGAGTTGCCATGCTTTGATCTTTCCATCTACTACTACCTTGAGGGTTAATCACC 9035

Qy  3061 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCCTGCGCCTGCGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 3120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9036 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCCTGCGCCTGCGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 9095

Qy  3121 CCGAGGCCTGGGGCATCATCATCATCACTCACTCAGCATCTGCGGCGGGCGAGGCCGG 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9096 CCGAGGCCTGGGGCATCATCATCACTCACTCAGCATCTGCGGCGGGCGAGGCCGG 9155

Qy  3181 CGGCCATGCACGGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGCGCCGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9156 CGCCATGCACGGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGCGCCGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 9215

Qy  3241 CCATGGAGCTGTGGGACGTGCCTCCCCTGGTGATGTGGCCTGCCTGGTGCCAGGCCGGGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9216 CCATGGAGCTGTGGGACGTGCCCCCTGGTGATGTGGCCTGCCTGGTGCCAGGCCGGGG 9275

Qy  3301 CCTGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9276 CCTGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 9335

Qy  3361 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCGGGTGGTGGGGGCACAGGAGGCCT 3420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9336 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCGGGTGGTGGGGGCACAGGAGGCCT 9395

Qy  3421 GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9396 GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 9455

Qy  3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG 3540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9456 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG 9515

Qy  3541 ATGAACACCATGGTGTGTGCAGGAGAGGGGTGAAGGCCATGGAGACTCCTGTGTGTCAGA 3600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9516 ATGAACACCATGGTGTGTGCAGGAGAGGGGGGTGAAGGCCATGGAGACTCCTGTGTGTCAGA 9575

Qy  3601 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGGTGGGAGGAGGCGTGTGACTGGC 3645
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9576 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGGTGGGAGGAGGCGTGTGACTGGC 9620
```

RESULT 2
AA206489

ID   AA206489 standard; DNA; 12047 BP.
XX
AC   AA206489;
XX
DT   23-NOV-1999 (first entry)
XX
DE   Human glandular kallikrein-1 (hGK1/hKLK2) promoter/enhancer region.
XX
KW   prostate; cancer; drug assay; drug development; enhancer; promoter;
KW   tumour; kallikrein; androgen regulation; prostate specific antigen; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key   Location/Qualifiers
FT   enhancer   8021..8371
FT   /*tag= a
FT   /note= "Enhancer activity"
XX
PN   WO9941413-A2.
XX
PD   19-AUG-1999.
XX
PF   11-FEB-1999; 99WO-US003117.
XX
PR   12-FEB-1998; 98US-00022732.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Henderson DR, Lamparski HG, Schuur ER, Yu DC;
XX
DR   WPI; 1999-527378/44.
XX
PT   Screening for compounds which inhibit prostate cancer using a cell line
PT   containing a marker whose expression is responsive to therapeutically
PT   active compounds.
XX
PS   Example 6; Page 44-48; 50pp; English.
XX
CC   This is the nucleotide sequence of the promoter/enhancer region of the
CC   human glandular kallikrein gene (hGK1 or hKLK2, encoding the hK2
CC   protein). hKLK2 is a member of the kallikrein family, as is the prostate-
CC   specific antigen (PSA), a chymotrypsin like protein that is synthesized
CC   exclusively by normal, hyperplastic, and malignant prostatic epithelia.
CC   This tissue specific nature of PSA makes it an excellent biomarker for
CC   identifying benign prostatic hyperplasia (BPH) and prostatic carcinoma
CC   (CaP). Elevated levels of PSA are indicative of BPH or CaP. Like PSA,

```
CC   hKLK2 is expressed exclusively in the prostate and is up regulated by
CC   androgens, primarily by transcription activation. The proteins also
CC   exhibit a high degree of amino acid sequence identity and contain similar
CC   regulatory elements. The characterisation of genes whose expression is
CC   limited to the prostate allows the development of screening methods which
CC   can identify substances capable of specifically altering the expression
CC   of prostate-specific genes
XX
SQ   Sequence 12047 BP; 3051 A; 2484 C; 2869 G; 3643 T; 0 U; 0 Other;

Query Match             100.0%;  Score 3645;  DB 2;  Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 3645;   Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;
```

```
Qy          1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTCCAAAGATGGAAAATGTTGAGAACTA 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5976 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTCCAAAGATGGAAAATGTTGAGAACTA 6035

Qy         61 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGCTTGGCTT 120
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6036 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGCTTGGCTT 6095

Qy        121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTTGGCTTGAAGCTTGGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6096 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTTGGCTTGAAGCTTGGG 6155

Qy        181 GTTGGGCTTCCGGAGCACATATTTGACGTGTGCGACTGTGATTTGGGTTTGGTATTTGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6156 GTTGGGCTTCCGGAGCACATATTTGACGTGTGCGACTGTGATTTGGGTTTGGTATTTGC 6215

Qy        241 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGGTCAGAATTCT 300
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6216 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGGTCAGAATTCT 6275

Qy        301 ATTATCTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTGCCTTCTAGGGCTGTAGT 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6276 ATTATCTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTGCCTTCTAGGGCTGTAGT 6335

Qy        361 CAGTGACCGGTCTGGCATTTCAACTTCAATCAGTAGTGGGTATCTTTTGTCCATGTTT 420
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6336 CAGTGACCGGTCTGGCATTTCAACTTCAATCAGTAGTGGGTATCTTTTGTCCATGTTT 6395

Qy        421 CAACAAACACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCACTTCCCCAATATATTCCCTGGATT 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6396 CAACAAACACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCACTTCCCCAATATATTCCCTGGATT 6455

Qy        481 ACCTAGGATTCTGTTAATAGGTTCATATGGAAATAAGAGTCCCTGCGATCCAACTTACAT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6456 ACCTAGGATTCTGTTAATAGGTTCATATGGAAATAAGAGTCCCTGCGATCCAACTTACAT 6515

Qy        541 TCCTTCTACACGTTATTCTACACCCCACTTCCCACTTCCTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6516 TCCTTCTACACGTTATTCTACACCCCACTTCCCACTTCCTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT 6575

Qy        601 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6576 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA 6635

Qy        661 CATTCTTTACTTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCTGCAGGAGTTCTCAAGA 720
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6636 CATTCTTTACTTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCTGCAGGAGTTCTCAAGA 6695

Qy        721 TGGCCCTTACTTCTGACATCATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTTCAGGT 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6696 TGGCCCTTACTTCTGACATCATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTTCAGGT 6755

Qy        781 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTATGCTCATGATCTATGG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6756 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTATGCTCATGATCTATGG 6815

Qy        841 TTTATTACAGCAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA 900
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6816 TTTATTACAGCAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA 6875

Qy        901 GACAAGAGGAGACTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCTCCCAGTGGTCATGGAAA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6876 GACAAGAGGAGACTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCTCCCAGTGGTCATGGAAA 6935

Qy        961 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGAGAAC 1020
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6936 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGAGAAC 6995

Qy       1021 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6996 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG 7055

Qy       1081 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGAGTCTACAGTCTGATAGGCTGTAACCAACATT 1140
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7056 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGAGTCTACAGTCTGATAGGCTGTAACCAACATT 7115

Qy       1141 GTCACCCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7116 GTCACCCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG 7175

Qy       1201 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGAGCTCCCAGGAGTGAATGC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7176 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGAGCTCCCAGGAGTGAATGC 7235

Qy       1261 AAAGACCTGGCCTCCTTGGCAAGGAATCCTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTT 1320
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7236 AAAGACCTGGCCTCCTTGGCAAGGAATCCTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTT 7295

Qy       1321 ATTGTGAGATCAAATGTCATGTGAGCAACATCCAGCACATGTCTGGCTGTGTGGAGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7296 ATTGTGAGATCAAATGTCATGTGAGCAACATCCAGCACATGTCTGGCTGTGTGGAGA 7355

Qy       1381 GTGACTTCTATGTGGCTAACATTGCTGAGTCCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 1440
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7356 GTGACTTCTATGTGGCTAACATTGCTGAGTCGTAACAATGTTAGGCATGGCTTTCAG 7415

Qy       1441 CACTCACAGATGTCATCTAATCCTAATCCTCACAACAGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7416 CACTCACAGATGTCATCTAATCCTAATCCTCACAACAGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 7475

Qy       1501 ATTTGACAGAGAAAGAGCTGTGATAAGAACTGTGAATAAGAGGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCT 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7476 ATTTGACAGAGAAAGAGCTGTGATAAGAACTGTGAATAAGAGGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCT 7535

Qy       1561 GGATGCAAGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 1620
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7536 GGATGCAAGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 7595

Qy       1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCGACTCTTCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 1680
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7596 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCGACTCTTCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 7655

Qy       1681 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATAACCAGAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC 1740
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7656 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATAACCAGAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC 7715

Qy       1741 TCTCCCCTTCCTACTGCCCCACTCTTCCAGCTCGGCCAGGTG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7716 TCTCCCCTTCCTACTGCCCCACTCTTCCAGCTCGGCCAGGTG 7775

Qy       1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTCACAGGGGAGAAAA 1860
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTCACAGGGGAGAAAA 7835

Qy       1861 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 1920
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7836 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 7895

Qy       1921 CCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCTGGGTAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7896 CCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCTGGGTAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 7955
```

```
Qy   1981 CCACACTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTTGTTCACATTTGTTCACTTGCCCCCCAATT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7956 CCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTTGTTCACATTTGTTCACTTGCCCCCCAATT 8015

Qy   2041 CATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGTCGGCAAAGGTGAG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8016 CATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGTCGGCAAAGGTGAG 8075

Qy   2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8076 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 8135

Qy   2161 TGTATCTGACGGAGTATTATTCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8136 TGTATCTGACGGAGTATTATTCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA 8195

Qy   2221 CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8196 CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy   2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATTACCATCTTGCAAGGCTATCT 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATTACCATCTTGCAAGGCTATCT 8315

Qy   2341 GCTGTACAAAATATGCTTGAAAAGATGTTCAGAAAAGAAAAATTGTCTCCCAAACTGTTCACCC 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8316 GCTGTACAAAATATGCTTGAAAAGATGTTCAGAAAAGAAAAATTGTCTCCCAAACTGTTCACCC 8375

Qy   2401 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGACCATGGAAAATTGTCTCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8376 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGACCATGGAAAATTGTCTCCATCATTAGTGTGTCTACCA 8435

Qy   2461 AGAGCCTTCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8436 AGAGCCCTTCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 8495

Qy   2521 CATCTGCTTCACCGCTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAGTTCCCCACCATGTTTGGCA 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8496 CATCTGCTTCACCGCTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAGTTCCCCACCATGTTTGGCA 8555

Qy   2581 GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAGTGCTTCAGAGTTCCGAGGGGACATCGGGTGG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8556 GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAGTGCTTCAGAGTTCCGAGGGGACATCGGGTGG 8615

Qy   2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGCAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGAG 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8616 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGCAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGAG 8675

Qy   2701 AAGAGGCTGGAGCTGAAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGTTCGAACTCTTAAATCC 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8676 AAGAGGCTGGAGCTGAAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGTTCGAACTCTTAAATCC 8735

Qy   2761 CCAAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGGTACGACTGGGAATGGCCTGAG 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8736 CCAAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGGTACGACTGGGAATGGCCTGAG 8795

Qy   2821 AGGTCTAAGAATCCGTATCCTCGGGAAGAGGGGGTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8796 AGGTCTAAGAATCCGTATCCTCGGGAAGAGGGGGTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC 8855

Qy   2881 AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGGGTCCCGTGGTGGTCCCTGGGAACCATT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8856 AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGGGTCCCGTGGTGGTCCCTGGGAACCATT 8915

Qy   2941 GGCTCCAGGGTTTGGGTGTGAAGGTAATGGAATCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8916 GGCTCCAGGGTTTGGGTGTGAAGGTAATGGAATCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 8975

Qy   3001 GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8976 GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 9035

Qy   3061 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCTGCGGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9036 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCTGCGGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 9095

Qy   3121 CCGAGGCCTGGGGCATCATCCACTCATCATTCAGCATCGCGTATGCGGGCGAGGCCGG 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9096 CCGAGGCCTGGGGCATCATCCACTCATCATTCAGCATCTCGCTATGCGGGCGAGGCCGG 9155

Qy   3181 CGCCATGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCTGCGACTATCCTGCCCGTCACGTCCCAA 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9156 CGCCATGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCTGCGACTATCCTGCCCGTCACGTCCCAA 9215

Qy   3241 CCATGGAGCTGTGGACGTGCTGCTCCCTGGTGTGGATGTGGCCTGGTGTGCCAGGCCGGGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9216 CCATGGAGCTGTGGACGTGCTGCTCCCTGGTGTGGATGTGGCCTGGTGTGCCAGGCCGGGG 9275

Qy   3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCAGAGAACACAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCAGAGAACACAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 9335

Qy   3361 TGGCCATATGTCGCTGTCCAGTCCACTGTCCTCCCAGTGAGTCTCCCAGATACGGAGCCT 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9336 TGGCCATATGTCGCTGTCCAGTCCACTGTCCTCCCAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 9395

Qy   3421 GAACTTACGGGTTGCCCAGTCCATCTGTACCAGGACTACCCAGACCCCTG 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9396 GAACTTACGGGTTGCCCAGTCCACTGTACCAGGACTACCCAGACCCCTG 9455

Qy   3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGCAGGAGAGGGGGTGAAGCCATGACTCCTGTGTGGTCAGA 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9456 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGCAGGAGAGGGGGTGAAGCCATGACTCCTGTGTGGTCAGA 9515

Qy   3541 ATGAACACCATGGTGTGTGCAGGAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGACTGGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9516 ATGAACACCATGGTGTGTGCAGGAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGACTGGC 9575

Qy   3601 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGACTGGC 3645
Db   9576 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGACTGGC 9620
```

```
RESULT 3
AA299934
ID   AA299934 standard; DNA; 12047 BP.
XX
AC   AA299934;
XX
DT   25-JUL-2000  (first entry)
XX
DE   DNA sequence of comprising a human glandular kallikrein TRE.
XX
KW   Glandular kallikrein; adenoviral vector; adenovirus gene;
KW   transcriptional regulatory element; TRE; transcriptional control;
KW   adenoviral propagation; tumour; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200015820-A1.
XX
PD   23-MAR-2000.
XX
PF   10-SEP-1999;   99WO-US020718.
XX
PR   10-SEP-1998;   98US-0099791P.
PR   09-SEP-1999;   99US-00392822.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Yu DC,  Henderson DR;
XX
DR   WPI; 2000-271456/23.
XX
PT   Adenovirus vectors comprising cell-status specific response elements
PT   useful in gene therapy protocols for the treatment of cancers.
```

XX
PS   Disclosure; Fig 6A-H; 79pp; English.
XX
CC   The present sequence comprises a transcriptional regulatory element (TRE)
CC   from a human glandular kallikrein gene. The TRE is used to produce an
CC   adenoviral vector of the invention. The specification describes an
CC   adenovirus vector which comprises an adenovirus gene under
CC   transcriptional control of a cell status specific TRE. The TRE is
CC   preferably one that is essential for adenoviral propagation. The
CC   adenovirus vectors may be used for the treatment of a range of tumours
CC   such as lung, stomach, breast, colon and rectum, and uterine and cervix
CC   cancers
XX
SQ   Sequence 12047 BP; 3051 A; 2484 C; 2869 G; 3643 T; 0 U; 0 Other;

Query Match   100.0%;   Score 3645;   DB 3;   Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 3645;   Conservative   0;   Mismatches   0;   Indels   0;   Gaps   0;

```
Qy      1  GGCCCTCCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA  60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5976  GGCCCTCCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA  6035

Qy     61  CTGTCCAGAGAGATTTCCTGAGTTCTGAGAGTGGGAATATAGAACCTGAAGCTTGGCTT  120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6036  CTGTCCAGAGAGATTTCCTGAGTTCTGAGAGTGGGAATATAGAACCTGAAGCTTGGCTT  6095

Qy    121  CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGCTTGGCTTGCTTGCTTGCTTGCTTGGG  180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6096  CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGCTTGGCTTGCTTGCTTGCTTGCTTGGG  6155

Qy    181  GTTGGGTTCCGGAGCACATATTTGACATGTTGCGACTGTGATTTGGGGTTTGGTATTTGC  240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6156  GTTGGGTTCCGGAGCACATATTTGACATGTTGCGACTGTGATTTGGGGTTTGGTATTTGC  6215

Qy    241  TCTGAATCCTAATGCTGTGTCCTTGAGGCATCTAGAAATCTGAAATCTGTGTCAGAATTCT  300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6216  TCTGAATCCTAATGTCGTGTCCTTGAGGCATCTAGAAATCTGAAATCTGTGTCAGAATTCT  6275

Qy    301  ATTATCTTGAGTAGGACATCCCAGTTCCTGGTTCTGCCTTCTAGGGCTGGAGTCTGAGT  360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6276  ATTATCTTGAGTAGGACATCCCAGTTCCTGGTTCTGCCTTCTAGGGCTGGAGTCTGTAGT  6335

Qy    361  CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT  420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6336  CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT  6395

Qy    421  CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTTCCCCACTTCCCCAGTCGCAATGTTAA  480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6396  CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTTCCCCACTTCCCCAGTCGCAATGTTAA  6455

Qy    481  ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACAT  540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6456  ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACAT  6515

Qy    541  TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT  600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6516  TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT  6575

Qy    601  CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAAACATACCTGATTTA  660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6576  CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAAACATACCTGATTTA  6635

Qy    661  CATTCTTTTACTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCCTCGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA  720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6636  CATTCTTTTACTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCCTCGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA  6695

Qy    721  TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTCATCAATTCATTCTGACATCGCCAAGATCATCCTCAGT  780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6696  TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTCATCAATTCATTCTGACATCGCCAAGATCATCCTCAGT  6755

Qy    781  TCAGTGATTGCTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG  840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6756  TCAGTGATTGCTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG  6815

Qy    841  TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAGAAAATCTAGCAAGGAAGGGAAGAGAGTTGCAGGGGCAAA  900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6816  TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAGAAAATCTAGCAAGGAAGGGAAGAGAGTTGCAGGGGCAAA  6875

Qy    901  GACAAGGAGGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA  960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6876  GACAAGGAGGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA  6935

Qy    961  GCAGTATCTTCCATACAATGATGTGTGATAAATATTCAGTGTTATTGCCAATCAGGGAAC  1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6936  GCAGTATCTTCCATACAATGATGTGTGATAAATATTCAGTGTTATTGCCAATCAGGGAAC  6995

Qy   1021  TCAACTGACCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGGTTGCACAGACATGTCACCACCTTCATGG  1080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6996  TCAACTGACCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGGTTGCACAGACATGTCACCACCTTCATGG  7055

Qy   1081  CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCACAGTCGATGAGCTGTAACCCAACATT  1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7056  CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCACAGTCGATGAGCTGTAACCCAACATT  7115

Qy   1141  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG  1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7116  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG  7175

Qy   1201  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTCAAAAGCTTAGAGATGAGAATCCTTACCGCACTCTTCCTTCACAGGGTT  1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7176  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTCAAAAGCTTAGAGATGAGAATCCTTACCGCACTCTTCCTTCACAGGGTT  7235

Qy   1261  AAAGACCTGGCCCTTGGGCAAGGAGAATCCTTACCGCACCAGCACATGTCGGCTGTGTGAGA  1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7236  AAAGACCTGGCCCTTGGGCAAGGAGAATCCTTACCGCACCAGCACATGTCGGCTGTGTGAGA  7295

Qy   1321  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGTGGAGA  1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7296  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGTGGAGA  7355

Qy   1381  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGCTTTCAG  1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7356  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGCTTTCAG  7415

Qy   1441  CACTTCAGATGCTCATCTAATCCTACACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC  1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7416  CACTTCAGATGCTCATCTAATCCTACACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC  7475

Qy   1501  ATTTGACAGAGGAAAAGGACTGTGGATAAGAAGACTGTGGATAAGAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT  1560
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7476  ATTTGACAGAGGAAAAGGACTGTGGATAAGAAGACTGTGGATAAGAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT  7535

Qy   1561  GGATGCAAGGGGCTCCAGAGACCATGATTAGACATTGCTGCAGAAATTATGGCTGG  1620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7536  GGATGCAAGGGGCTCCAGAGACCATGATTAGACATTGCTGCAGAAATTATGGCTGG  7595

Qy   1621  ATGTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACCCCTATCTCAGATCTCTGACT  1680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7596  ATGTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACCCCTATCTCAGATCTCTGACT  7655

Qy   1681  TTGAGGTTATCCTGAGACTTCCTGATACCAGGAGCCATCATAATCTCTGTGTCC  1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7656  TTGAGGTTATCCTGAGACTTCCTGATACCAGGAGCCATCATAATCTCTGTGTCC  7715

Qy   1741  TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTGCCACTCTTCCCAGCTCGGCCAGGTG  1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7716  TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTGCCACTCTTCCCAGCTCGGCCAGGTG  7775

Qy   1801  TAGCCAAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAAATGTGATCCTACAGGGGGAGAAAA  1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7776  TAGCCAAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAAATGTGATCCTACAGGGGGAGAAAA  7835

Qy   1861  AAAAAAGAACTCTGAAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7836  AAAAAAGAACTCTGAAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  7895
```

```
Qy  1921 CCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7896 CCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGGAGGCAAAAGATTTTATTAC 7955

Qy  1981 CCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATT 2040
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7956 CCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATT 8015

Qy  2041 CATATGGGATGATCAGACGAGTCAGTTGTCAGTGGATGGACACAGGGGTTGTGGCAAAGGTGAG 2100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8016 CATATGGGATGATCAGACGAGTCAGTTGTCAGTGGATGGACACAGGGGTTGTGGCAAAGGTGAG 8075

Qy  2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 2160
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8076 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 8135

Qy  2161 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTTCTGGAGGAA 2220
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8136 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTTCTGGAGGAA 8195

Qy  2221 CATATTGTATTATTGTTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8196 CATATTGTATTATTGTTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy  2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGACAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 2340
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGACAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 8315

Qy  2341 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 2400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8316 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 8375

Qy  2401 CAGAAGACACACAGAAACATGAGAGAACATAGAGAACATAGAACAAGGTGTCTCCCAAACACTGTTCACCC 2460
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8376 CAGAAGACACACAGAAACATGAGAGAACATAGAGAACATAGAACAAGGTGTCTCCCAAACACTGTTCACCC 8435

Qy  2461 AGAGCCTTCCACTCTTGCTGCCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8436 AGAGCCTTCCACTCTTGCTGCCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 8495

Qy  2521 CATCTGGCTTCACCGTGCCTCCCACTCGGCTGCTCCCACCAAGTTGGCA 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8496 CATCTGGCTTCACCGTGCCTCCCACTCGGCTGCTCCCACCAAGTTGGCA 8555

Qy  2581 GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTG 2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8556 GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTG 8615

Qy  2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAG 2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8616 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAG 8675

Qy  2701 AAGAGCTGAGGTGAATGTCGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCGAACTCTTAAATCC 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8676 AAGAGCTGAGGTGAATGTCGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCGAACTCTTAAATCC 8735

Qy  2761 CCAAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGAATGGCCTGAG 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8736 CCAAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGAATGGCCTGAG 8795

Qy  2821 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC 2880
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8796 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC 8855

Qy  2881 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTTCTTGGTGTCCTGGGCTCCCTGGGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8856 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTTCTTGGTGTCCTGGGCTCCCTGGGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 8915

Qy  2941 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCTCCTGATTCTCCTGATTCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8916 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCTCCTGATTCTCCTGATTCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 8975
```

```
Qy  3001 GAGAGTTGCCATGCTTGATCTTCCATCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 3060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8976 GAGAGTTGCCATGCTTGATCTTCCATCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 9035

Qy  3061 TACTCTTCTAGTTGCCACAAGAGTGCGCCTTGCGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 3120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9036 TACTCTTCTAGTTGCCACAAGAGTGCGCCTTGCGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 9095

Qy  3121 CCGAGGCCTGGGCCATCATCCACTCACTCATCATCAGCATCTCGCTCATCAGCGAGGCCGG 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9096 CCGAGGCCTGGGCCATCATCCACTCACTCATCATCAGCATCTCGCTCATCAGCGAGGCCGG 9155

Qy  3181 CGCCATGAGCTCATGTAGTGCGACTATCCTGCAGCGCGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9156 CGCCATGAGCTCATGTAGTGCGACTATCCTGCAGCGCGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 9215

Qy  3241 CCATGAGCTGTGGACGTGGCTGTCCCTGGGATGTGGCTGCCAGGCCTGGTGCCAGGCGGGG 3300
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9216 CCATGAGCTGTGGACGTGGCTGTCCCTGGGATGTGGCTGCCAGGCCTGGTGCCAGGCGGGG 9275

Qy  3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGAAACCAGGACTGAAACGTGCTAGAGAA 3360
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGAAACCAGGACTGAAACGTGCTAGAGAA 9335

Qy  3361 TGGGCCATATGTCGTCGTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGGCCACAGGAGCCT 3420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9336 TGGGCCATATGTCGTCGTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGGCCACAGGAGCCT 9395

Qy  3421 GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCCACTGTCTCCCCAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 3480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9396 GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCCACTGTCTCCCCAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 9455

Qy  3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACACATCTTGTAACADGGACTACCCAGGACCCTG 3540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9456 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG 9515

Qy  3541 ATGAACACCATGGTGTGTGCAGGAAGAGGGGTGAAGGGCATGGACTGGACTCTGTGTGTCAGA 3600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9516 ATGAACACCATGGTGTGTGCAGGAAGAGGGGTGAAGGGCATGGACTGGACTCTGTGTGTCAGA 9575

Qy  3601 GCCCAGAGGGGGCCATGACCGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 3645
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9576 GCCCAGAGGGGGCCATGACCGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 9620
```

XX
DR   WPI; 2000-452409/39.
XX
PT   New adenoviral vector for selective targeting of cancer cells, comprises
PT   an adenovirus gene under transcriptional control of a target cell-
PT   specific transcriptional regulatory element and an E3 sequence.
XX
PS   Disclosure; Fig 24; 138pp; English.
XX
CC   The specification describes an adenoviral vector which comprises an
CC   adenoviral gene under the transcriptional control of a target cell-
CC   specific transcriptional regulatory element (TRE) and an E3 sequence. The
CC   vectors are useful for exerting selective cytotoxicity and/or suppressing
CC   cell growth (including tumour growth). This is especially useful in
CC   treating cancer in which targeted cell killing is desirable. This is also
CC   useful for targeted cytotoxic effects in other, non-tumour cells, when
CC   selective destruction and/or suppression of these cells is desirable. The
CC   vectors can also be useful for detecting the presence of cells which
CC   permit function of a target cell-specific TRE in, for example, an
CC   appropriate biological (such as clinical) sample. The adenovirus
CC   vector(s) can optionally selectively produce one or more proteins of
CC   interest in a target cell by using a heterologous, i.e., non-adenoviral,
CC   TRE. The present sequence represents a human glandular kallikrein TRE,
CC   which is used in the course of the invention
XX
SQ   Sequence 12047 BP; 3051 A; 2484 C; 2869 G; 3643 T; 0 U; 0 Other;

Query Match   100.0%; Score 3645; DB 3; Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%; Pred. No. 0;
Matches 3645; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy      1  GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA    60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5976  GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA  6035

Qy     61  CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCGTGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGCTT         120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6036  CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCGTGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGCTT        6095

Qy    121  CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG   180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6096  CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG  6155

Qy    181  GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGCGACATGTTGCGACTGTGATTTGGGGTTTGGTATTTGC  240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6156  GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGCGACATGTTGCGACTGTGATTTGGGGTTTGGTATTTGC 6215

Qy    241  TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGTCAGAATTCT    300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6216  TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGTCAGAATTCT  6275

Qy    301  ATTATCTTGAGTAGGACACATCTCCAGTCTCCAGTTCCTGTTCTGCCTTCTCCAGTCTGTAGT 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6276  ATTATCTTGAGTAGGACACATCTCCAGTCTCCAGTTCCTGTTCTGCCTTCTCCAGTCTGTAGT 6335

Qy    361  CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCAACTTCAATACAGTAGTGGGCTATCTTTGGTTCCTCATGTTT 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6336  CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCAACTTCAATACAGTAGTGGGCTATCTTTGGTTCCTCATGTTT 6395

Qy    421  CAACCAAACAACGGAATAAACCATTAGAACCTTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA   480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6396  CAACCAAACAACGGAATAAACCATTAGAACCTTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA  6455

Qy    481  ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGAATCCAACTTTACAT   540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6456  ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGAATCCAACTTTACAT  6515

Qy    541  TCCTTCTACGGTTATTCTACACCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATAATTCCCTGGATT   600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6516  TCCTTCTACGGTTATTCTACACCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATAATTCCCTGGATT  6575

Qy    601  CTACCTATATATGTGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTCCGTCATTAACTAACTACCTGATTTA 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6576  CTACCTATATATGTGTAATCCTGCTTTGCCAGTTTCAGTTGCATTAACATACCTGATTA  6635

Qy    661  CATTCTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCTCAAGA          720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6636  CATTCTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCTCAAGA         6695

Qy    721  TGGCCCTTACTTCTGACATCAATGTTGACATTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT  780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6696  TGGCCCTTACTTCTGACATCAATCATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT 6755

Qy    781  TCAGTGATTGCTGTGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG   840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6756  TCAGTGATGCTGTGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTATGCTCATGGCTATGG  6815

Qy    841  TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAATCTCAGCAAGGAGATGAAAATCAGCAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6816  TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAATCTCAGCAAGGAGATGAAAATCAGCAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA 6875

Qy    901  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA   960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6876  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA  6935

Qy    961  GCAGTATCTTCCATACAATGATGTGATAATATTCAGTGTATTGTGTATATATTGCCAATCAGGGAAC 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6936  GCAGTATCTTCCATACAATGATGTGATAATATTCAGTGTATTGTGTATATATTGCCAATCAGGGAAC 6995

Qy   1021  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG  1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6996  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG 7055

Qy   1081  CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATGAGGTGTAACCCAACATT  1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7056  CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATGAGGTGTAACCCAACATT 7115

Qy   1141  GTCACCAATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGAAACACAG  1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7116  GTCACCAATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGAAACACAG 7175

Qy   1201  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC  1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7176  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC 7235

Qy   1261  AAAGACCTGGCCTCTTGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCCACACTCTTCCTTCCACAGGGTT 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7236  AAAGACCTGGCCTCTTGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCCACACTCTTCCTTCCACAGGGTT 7295

Qy   1321  ATTGTGAGGATCAAAATGGTCATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCGTGTGGAGA 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7296  ATTGTGAGGATCAAAATGGTCATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCGTGTGGAGA 7355

Qy   1381  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGCGTTTCAG   1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7356  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGCGTTTCAG  7415

Qy   1441  CACTCACAGATGCTCATCTAACTCACAACATGGCTGGCACTAGGGTGGCCACTACTAGCCTC 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7416  CACTCACAGATGCTCATCTAACTCACAACATGGCTGGCACTAGGGTGGCCACTACTAGCCTC 7475

Qy   1501  ATTTGACAGAGAAAGGACTGTGATAGAAGAGGGGGTCACCAATAGGTCAGAGTCATTCT   1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7476  ATTTGACAGAGAAAGGACTGTGATAGAAGAGGGGGTCACCAATAGGTCAGAGTCATTCT  7535

Qy   1561  GGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTACACATTGCTCGAGAAATTATGGCTGG     1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7536  GGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTACACATTGCTCGAGAAATTATGGCTGG    7595

Qy   1621  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGCGACTTTCCTTGACCCCCTATCCAGATCTTGACT  1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7596  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGCGACTTTCCTTGACCCCCTATCCAGATCTTGACT 7655

Qy   1681  TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTATGATAACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCGTGTCC    1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7656  TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTATGATAACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCGTGTCC   7715
```

```
Qy     1741 TCTCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCACTCTTCCCAGTCCATCTCCAGTCTGGCCAGGTG 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7716 TCTCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCACTCTTCCCAGTCCATCTCCAGTCTGGCCAGGTG 7775

Qy     1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGACTATAAATGTCATCCTACAGGGGAGAAAA 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGACTATAAATGTCATCCTACAGGGGAGAAAA 7835

Qy     1861 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTGACTTGCAAACACATAGCTAACCTG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7836 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTGACTTGCAAACACATAGCTAACCTG 7895

Qy     1921 CCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCATCAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7896 CCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCATCAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 7955

Qy     1981 CCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTCCCCCAATT 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     7956 CCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTCCCCCAATT 8015

Qy     2041 CATATGGGATGATCAGACGAGTTCAGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGTGGCAAAGGTGAG 2100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8016 CATATGGGATGATCAGACGAGTTCAGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGTGGCAAAGGTGAG 8075

Qy     2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8076 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 8135

Qy     2161 TGTATCTGACGGAGATATTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGAGCGTTAACTTT 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8136 TGTATCTGACGGAGATATTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8195

Qy     2221 CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8196 CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy     2281 ATTATCTAAGGCAGTAGCAAACCTAGATCTGACGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 2340
            ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8256 ATTATCTAAGGCAGTAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 8315

Qy     2341 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTGCT 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8316 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTGCT 8375

Qy     2401 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACATTAAGAACATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8376 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACATTAAGAACATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 8435

Qy     2461 AGAGGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTTCTTAACACTCATTAGTGTGTCTACCA 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8436 AGAGGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTTCTTAACACTCATTAGTGTGTCTACCA 8495

Qy     2521 CATCTGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTCTAGTCCAGTTCCCCACCATGTTTGGCA 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8496 CATCTGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTCTAGTCCAGTTCCCCACCATGTTTGGCA 8555

Qy     2581 GTGCCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGAGGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG 2640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8556 GTGCCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGAGGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTG 8615

Qy     2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8616 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 8675

Qy     2701 AAGAGGCTGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8676 AAGAGGCTGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 8735

Qy     2761 CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCAGCTTCCGAGTGACTGGGAATGGCCTGAG 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8736 CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCAGCTTCCGAGTGACTGGGAATGGCCTGAG 8795
```

```
Qy     2821 AGGGCTTAAGAAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATGTGAGGGGTTGAGTTGC 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8796 AGGGCTTAAGAAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 8855

Qy     2881 AGGGGTTGTTAGCTGAGACTTCTTGGTGGTCCTGGAAGCAGGACTGGAACCATT 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8856 AGGGGTTTGTTAGCTGAGACTTCTTGGTGGTCCTGGAAGCAAGACTGGAACCATT 8915

Qy     2941 GGCTCCAGGGTTGGTGTGAAGTAATGGGATTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8916 GGCTCCAGGGTTGGTGTGAAGGTAATGGGATTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 8975

Qy     3001 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTTCCATCTCACTCCACTTGAGGGTAATCACC 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     8976 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTTCCATCTCACTCCACTTGAGGGTAATCACC 9035

Qy     3061 TACTCTTCCAGTCCACAAGAGTGCGCCTGCGGCCGCCAGTATAATCTGCCACATGTGCCATGTC 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9036 TACTCTTCCAGTCCACAAGAGTGCGCCTGCGGCCGCCAGTATAATCTGCCACATGTGCCATGTC 9095

Qy     3121 CCGAGGCCTGGGGCATCATCCATCATTCAGCATTGCGCTATGCGGGCGAGGCCCG 3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9096 CCGAGGCCTGGGGCATCATCCATCATTCAGCATCTGCGCTATGCGGGCGAGGCCCG 9155

Qy     3181 CGCCATGAGCTCATGTAGCTGCGGACTATCCCTGGTGAGTGCCTGCGTCGGTGTGCCTGCGTGTGCCTCCCAA 3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9156 CGCCATGAGCTCATGTAGCTGCGGACTATCCCTGGTGAGTGTGGACGTGCGTCCCGGTCAGTCGTCCCAA 9215

Qy     3241 CCATTGGAGCTGTGGACGTGCGTCCCGTGGATGTGCCTGCCAGCCTGGTGGTGGCCGGGG 3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9216 CCATGGAGCTGTGGACGTGCGTCCCGTGGATGTGCCTGCCAGCCTGGTGGTGGCCGGGG 9275

Qy     3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACAGGACTTCAAGGACTGAAAGGGTGTAGAGAA 3360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACAGGACTTCAAGGACTGAAAGGGTGTAGAGAA 9335

Qy     3361 TGGCCATATGTCGCTGTGTCCATGAAGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGGGAGGGGCACCAGGAGCCT 3420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9336 TGGCCATATGTCGCTGTGTCCATGAAGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGGGAGGGGCACCAGGAGCCT 9395

Qy     3421 GAACTTACGGGTTGCCCCAGTGTTCCTCCCAAGTCGAGTCTCCCAAGTCGAGATACGAGGCA 3480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9396 GAACTTACGGGTTGCCCCAGTGTTCCTCCCAAGTCGAGTCTCCCAAGTCGAGATACGAGGCA 9455

Qy     3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCGTGTAACAGGACTACCCAGACCCCTG 3540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9456 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCGTGTAACAGGACTACCCAGACCCCTG 9515

Qy     3541 ATGAACACCATGGTGTGTCCAGGAAGAGGGGGTGAAGGCCATGGCGGTGGCGAGCTCCTGTGTGGTCAGA 3600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9516 ATGAACACCATGGTGTGTCCAGGAAGAGGGGGTGAAGGCCATGGCGGTGGCGAGCTCCTGTGTGGTCAGA 9575

Qy     3601 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 3645
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     9576 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 9620
```

```
KW   platelet derived growth factor; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO20173093-A2.
XX
PD   04-OCT-2001.
XX
PF   21-MAR-2001; 2001WO-US009036.
XX
PR   24-MAR-2000; 2000US-0192156P.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Yu D, Li Y, Henderson DR;
XX
DR   WPI; 2001-639234/73.
XX
PT   Replication-competent adenoviral vector, useful e.g. for killing cancer
PT   cells, contains two genes linked by internal ribosome entry site and
PT   controlled by target-specific regulator.
XX
PS   Example; Page 106-112; 148pp; English.
XX
CC   The sequences given in AAH43607-22 represent sequences which may used in
CC   the replication-competent adenoviral vector (A) of the invention. The
CC   vector contains two genes (G1, G2) that are co-transcribed as a single
CC   mRNA and under control of a heterologous, target cell-specific
CC   transcriptional regulatory element (TRE). G2 has a mutation in, or
CC   deletion of, its endogenous promoter and is controlled from an internal
CC   ribosome entry site (IRES). (A) has greater specificity for a target cell
CC   than a similar vector in which TRE is operably linked to a gene and which
CC   lacks an IRES. (A) are used to modify the genotype of target cells,
CC   optionally in vitro with subsequent return of altered cells to the host,
CC   and where G2 is a cytotoxic gene, to confer selective cyto- toxicity to
CC   target cells, especially for killing cancer cells. Also (A) are used for
CC   diagnosis and monitoring, e.g. detection of bladder cancer cells. The
CC   target cell-specific TRE ensures that (A) has better targeting
CC   specificity, with minimal replication in non-target cells, so a runaway
CC   infection is prevented but production of adenoviral proteins in target
CC   cells activates and/or stimulates the immune response against target
CC   cells producing such proteins.The use of an IRES (rather than two
CC   identical control elements) eliminates the risk of homologous
CC   recombination and may provide enough extra space for an additional
CC   (therapeutic) gene
XX
SQ   Sequence 12047 BP; 3051 A; 2484 C; 2869 G; 3643 T; 0 U; 0 Other;

Query Match             100.0%;  Score 3645;  DB 5;  Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches  3645;  Conservative  0;  Mismatches  0;  Indels  0;  Gaps  0;

Qy      1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAGATGCTCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5976 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAGATGCTCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA 6035

Qy     61 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGGCTTCTAGAGTGTGGAATATAGAAGCTTGGCTTGGGCTT 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6036 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGGCTTCTAGAGTGTGGAATATAGAAGCTTGGCTTGGGCTT 6095

Qy    121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTTGCAGCAGTTTGGG 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6096 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGGATGGGGCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTTGCAGCAGTTTGGG 6155

Qy    181 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTTGCCGACTGTGATTTGGGGTTTGATTTGC 240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6156 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTTGCCGACTGTGATTTGGGGTTTGATTTGC 6215

Qy    241 TCTGAATCCTTAAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGGTCAGAATTCT 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6216 TCTGAATCCTTAAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGGTCAGAATTCT 6275

Qy    301 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTGCCTTCTTCAGGGGCTGGAGTCTGTAGT 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6276 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTGCCTTCTTCAGGGGCTGGAGTCTGTAGT 6335

Qy    361 CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT 420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6336 CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT 6395

Qy    421 CAACCAAACACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6396 CAACCAAACACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA 6455

Qy    481 ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACAT 540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6456 ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACAT 6515

Qy    541 TCCTTCACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6516 TCCTTCACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT 6575

Qy    601 CTACCTATATATGGTAATCCTGCTTGCCAGTTTGCAGTTGCATTAACATACCTGATTTA 660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6576 CTACCTATATATGGTAATCCTGCTTGCCAGTTTGCAGTTGCATTAACATACCTGATTTA 6635

Qy    661 CATTCTTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6636 CATTCTTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 6695

Qy    721 TGGCCCTTACTTCTGACATCATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAGATCATCCTCAGGT 780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6696 TGGCCCTTACTTCTGACATCATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAGATCATCCTCAGGT 6755

Qy    781 TCAGTGATTGCTGGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6756 TCAGTGATTGCTGGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG 6815

Qy    841 TTTTATTACAGCAAAGAATAGAGATAGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGCAAA 900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6816 TTTTATTACAGCAAAGAATAGAGATAGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGCAAA 6875

Qy    901 GACAAGGAGAGCTCCAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCCCAGTGGTGTCATGGAAA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6876 GACAAGGAGAGCTCCAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCCCAGTGGTGTCATGGAAA 6935

Qy    961 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATAATATTCAGTTGTATGCCAATCAGGGAAC 1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6936 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATAATATTCAGTTGTATGCCAATCAGGGAAC 6995

Qy   1021 TCAACTGAGCCCTTGATTACTTAGCCCCTCCAGACGCTCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6996 TCAACTGAGCCCTTGATTACTTAGCCCCTCCAGACGCTCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG 7055

Qy   1081 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCCAACATT 1140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7056 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCCAACATT 7115

Qy   1141 GTCACCATAAATCACATTGTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7116 GTCACCATAAATCACATTGTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG 7175

Qy   1201 GCACTCTAAACAGGCAGATATTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC 1260
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7176 GCACTCTAAACAGGCAGATATTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC 7235

Qy   1261 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTACGGCACATGTCCTTCACAGGGTT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7236 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTACGGCACATGTCCTTCACAGGGTT 7295

Qy   1321 ATTGTGAGGATCAAATGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGCGTGTGTGAGA 1380
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7296 ATTGTGAGGATCAAATGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGCGTGTGTGAGA 7355

Qy   1381 GTGACTTCTATGTGTCTAACATTGCTGGTGTCGAGTTGCTAAGAAGTATTGGCATGGCTTTCAG 1440
```

```
Qy  2521  CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTTGGTCAGTTCCCACCATGTTTGGCA  2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8496  CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTTAGGTCAGTTCCCACCATGTTTGGCA  8555

Qy  2581  GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG  2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8556  GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG  8615

Qy  2641  GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG  2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8616  GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG  8675

Qy  2701  AAGAGGCTGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC  2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8676  AAGAGGCTGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC  8735

Qy  2761  CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTGACGTGGGAATGGCCTGAG  2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8736  CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTGACGTGGGAATGGCCTGAG  8795

Qy  2821  AGGTCTAAGAATCCTATCCTCGGAAGGAGGGGTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC  2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8796  AGGTCTAAGAATCCTATCCTCGGAAGGAGGGGTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC  8855

Qy  2881  AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGACTGAACCATT  2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8856  AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGACTGAACCATT  8915

Qy  2941  GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGATCTTGATCTTCCACTCCTTACTCCTTGAGAGGACT  3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8916  GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGATCTTCCATCTTCCACTCCTTACTCCTTGAGAGGACT  8975

Qy  3001  GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTTCCATCTTCCACTTGAGGGTAATCACC  3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8976  GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTTCCATCTTCCACTTGAGGGTAATCACC  9035

Qy  3061  TACTCTTCAGTTCCACAAGAGTCGCGCCTGCCGCAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC  3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9036  TACTCTTCAGTTCCACAAGAGTCGCGCCTGCCGCAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC  9095

Qy  3121  CCGAGGCCTGGGGCATCATCCACTCATTCAGCACTCGCTATGCGGGCGAGGCCGG  3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9096  CCGAGGCCTGGGGCATCATCCACTCATTCAGCACTCGCTATGCGGGCGAGGCCGG  9155

Qy  3181  CGCCATGAGCTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGCGCCCTCCCCGTCACGTCCCAA  3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9156  CGCCATGAGCTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGCGCCCTCCCCGTCACGTCCCAA  9215

Qy  3241  CCATGGAGCTGTGGACGTGGCTGGTCCCCTGGGATGTGGCCTGCGGTGGCCAGGCCGGGG  3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9216  CCATGGAGCTGTGGACGTGGCTGGTCCCCTGGGATGTGGCCTGCGGTGGCCAGGCCGGGG  9275

Qy  3301  CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGAAACAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA  3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9276  CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGAAACAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA  9335

Qy  3361  TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTTCTGGGTGGTGGAGGGCCACAGGAGCAGCCT  3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9336  TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTTCTGGGTGGTGGAGGGCCACAGGAGCAGCCT  9395

Qy  3421  GAACTTACGGGTTGCCCCAGTCCACTGTCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACAGAGCA  3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9396  GAACTTACGGGTTGCCCCAGTCCACTGTCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACAGAGCA  9455

Qy  3481  CTGTTGCCAGCATCAGCTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG  3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9456  CTGTTGCCAGCATCAGCTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG  9515

Qy  3541  ATGAACACCATGGTGTGTCGCAGGAAGGCATGGGGTGAAGGCATGGTCCTGTGTGGTCAGA  3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9516  ATGAACACCATGGTGTGTCGCAGGAAGGCATGGGGTGAAGGCATGGTCCTGTGTGGTCAGA  9575
```

```
Db  7356  GTGACTTCTATGTGTCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG  7415
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  1441  CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACACACAGGCTGGGCACTACTAGCCTC  1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7416  CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACACACAGGCTGGGCACTACTAGCCTC  7475

Qy  1501  ATTTGACAGAGAAAGGACTGTGGATAAGAGAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT  1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7476  ATTTGACAGAGAAAGGACTGTGGATAAGAGAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT  7535

Qy  1561  GGATGCAAGGGGCTCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7536  GGATGCAAGGGGCTCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  7595

Qy  1621  ATGTCCTGCCCGGAAAGGGGGATCCACTTCCTTGACCCCCTATCCTCAGATCTTGACT  1680
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7596  ATGTCCTGCCCGGAAAGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCATCTCAGATCTTGACT  7655

Qy  1681  TTGAGGTTATCCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCCTCTCTGTCC  1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7656  TTGAGGTTATCCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCCTCTCTGTCC  7715

Qy  1741  TCTCCCCTTCCAGTCTACTGCCCACTCTTCCATCCTCATCTCCAGTTGGCCAGGTG  1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7716  TCTCCCCTTCCAGTCTACTGCCCACTCTTCCATCCTCATCTCCAGTTGGCCAGGTG  7775

Qy  1801  TAGCCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAA  1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7776  TAGCCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAA  7835

Qy  1861  AAAAAAGAACTCTGAAAGAGTCGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7836  AAAAAAGAACTCTGAAAGAGTCGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  7895

Qy  1921  CCAGTTTGTTGTGCTGGTAGAGAACTCATGAGAACTCCTGGGTCACATTTGGCCCCCAATT  1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7896  CCAGTTTGTTGTGCTGGTAGAGAACTCATGAGAACTCCTGGGTCACATTTGGCCCCCAATT  7955

Qy  1981  CCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTTGTGTTCACATTTGTGTTGCCCCCAATT  2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7956  CCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTTGTGTTCACATTTGTGTTGCCCCCAATT  8015

Qy  2041  CATATGGGATGATCAGACAGTTCAGGTGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG  2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8016  CATATGGGATGATCAGACAGTTCAGGTGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG  8075

Qy  2101  CAACCTAGGCTTAGAATCCTCAATCTTATAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8076  CAACCTAGGCTTAGAATCCTCAATCTTATAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  8135

Qy  2161  TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAAATTGGGTTGAAAGCAGCAGACCTACTCTCTGGAGGAA  2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8136  TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAAATTGGGTTGAAAGCAGCAGACCTACTCTCTGGAGGAA  8195

Qy  2221  CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT  2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8196  CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT  8255

Qy  2281  ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCCATCTTGCAAGGCTATCT  2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8256  ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT  8315

Qy  2341  GCTGTACCAAATATGCTTGAAAAGATGGTCAGAAAGAACGGTTATTATTGCCTTTGCT  2400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8316  GCTGTACCAAATATGCTTGAAAAGATGGTCAGAAAGAACGGTTATTATTGCCTTTGCT  8375

Qy  2401  CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGACCATGGAAAATTGCTCTCCAACACTGTTCACCC  2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8376  CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGACCATGGAAAATTGTCTCTCCAACACTGTTCACCC  8435

Qy  2461  AGAGCCCTTCCACTCTTTGCTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA  2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8436  AGAGCCCTTCCACTCTTTGCTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA  8495
```

```
Qy      3601  GCCCAGAGGGGCCATGCGGTGGGGAGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  3645
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      9576  GCCCAGAGGGGCCATGCGGTGGGGAGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  9620


RESULT 6
AAF87248
ID   AAF87248 standard; DNA; 12047 BP.
XX
AC   AAF87248;
XX
DT   26-MAR-2002 (first entry)
XX
DE   Human glandular kallikrein-TRE coding sequence.
XX
KW   Tumour growth suppression; adenovirus vector; antineoplastic agent;
KW   transcriptional regulatory element; TRE; radiotherapy; bladder cancer;
KW   prostate cancer; liver cancer; breast cancer; colon cancer; melanoma;
KW   ovarian cancer; pancreatic cancer; lung cancer; brain cancer; therapy;
KW   glandular kallikrein-TRE; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200172341-A2.
XX
PD   04-OCT-2001.
XX
PF   21-MAR-2001; 2001WO-US009042.
XX
PR   24-MAR-2000;.2000US-0192015P.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Yu D,  Chen Y,  Henderson DR;
XX
DR   WPI; 2001-648426/74.
XX
PT   Suppression of tumor growth, e.g. liver, bladder or breast cancer,
PT   comprises using a synergistic combination of adenovirus vector and
PT   antineoplastic agent or radiotherapy.
XX
PS   Disclosure; Page 174-181; 248pp; English.
XX
CC   This sequence is a human glandular kallikrein-TRE coding sequence used in
CC   the scope of the invention. The invention relates to a method for the
CC   suppression of tumour growth comprising the administration of: (a) a
CC   target cell-specific adenovirus vector comprising an adenoviral gene
CC   essential for replication under transcriptional control of a target cell-
CC   specific transcriptional regulatory element (TRE); and (b) at least one
CC   antineoplastic agent; or (c) a course of radiotherapy where the amount of
CC   (a) and/or (b) or (c) is lower than that known to be effective for
CC   suppressing tumour growth when administered alone. The method is used for
CC   suppression of tumour growth for treatment of e.g. bladder cancer,
CC   prostate cancer, liver cancer, breast cancer, colon cancer, melanoma,
CC   ovarian cancer, pancreatic cancer, lung cancer or brain cancer. The
CC   combinations enhance the efficacy of treatment, allowing lower doses to
CC   be administered, reducing toxicity and suffering of the patient
XX
SQ   Sequence 12047 BP; 3051 A; 2484 C; 2869 G; 3643 T; 0 U; 0 Other;

Query Match         100.0%;  Score 3645;  DB 5;  Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 3645;  Conservative  0;  Mismatches  0;  Indels  0;  Gaps  0;


Qy       1  GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAAAATGTTTGAGAACTA    60
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5976  GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAAAATGTTTGAGAACTA  6035

Qy      61  CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGGTGTGGAATATAGAACCTGGCTTGGCTT           120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6036  CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGGTGTGGAATATAGAACCTGGCTTGGCTT          6095

Qy     121  CTTCAGCCTAGAATCAGGAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG
```

```
Qy           |||||||||||
Db     6096  CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG  6155

Qy     181  GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTTGCGACTGTGATTTGGGGTTGGTATTGC     240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6156  GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTTGCGACTGTGATTTGGGGTTGGTATTGC    6215

Qy     241  TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTGAGCATCAGAATCTGTGGTCAGAATTCT          300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6216  TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTGAGCATCAGAATCTGTGGTCAGAATTCT         6275

Qy     301  ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTTCTGCCTTCTAGGGCTGTCTGTAGT      360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6276  ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTTCTGCCTTCTAGGGCTGTCTGTAGT     6335

Qy     361  CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGCTATCTTTGGTCCATGTTT    420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6336  CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGCTATCTTTGGTCCATGTTT   6395

Qy     421  CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA   480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6396  CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA  6455

Qy     481  ACCTTAGGATTTCTTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACAT  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6456  ACCTTAGGATTTCTTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACAT 6515

Qy     541  TCCTTCACGTTATTCTCACACCCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGATT      600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6516  TCCTTCACGTTATTCTCACACCCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGATT     6575

Qy     601  CTACCTATATATGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTCATTGCATTAACATACCTGATTTA     660
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6576  CTACCTATATATGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTCATTGCATTAACATACCTGATTTA    6635

Qy     661  CATTCTTTTACTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA   720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6636  CATTCTTTTACTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA  6695

Qy     721  TGGCCCTACTTCTGACATCAATTGAGATTCAAGGAGTCGCCAAGATCATCCTCCAGGT    780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6696  TGGCCCTACTTCTGACATCAATTGAGATTCAAGGAGTCGCCAAGATCATCCTCCAGGT   6755

Qy     781  TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTATGTCGCATGGCTATGG    840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6756  TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGTCTCATGGCTATGG  6815

Qy     841  TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA   900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6816  TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA  6875

Qy     901  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGTGTCATGGAAA    960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6876  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGTGTCATGGAAA   6935

Qy     961  GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC   1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6936  GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC  6995

Qy    1021  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG  1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6996  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG  7055

Qy    1081  CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTTCAGCTCACAGCGTGATAGGCTGTAACCAACATT    1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7056  CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTTCAGCTCACAGCGTGATAGGCTGTAACCAACATT   7115

Qy    1141  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG  1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7116  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG  7175

Qy    1201  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTGAGAGATGACCTTCGCCTTCAGCAGTTTGGG  1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  7176 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCAGGAGCTGAATGC 7235

Qy  1261 AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGGCACACTCTTCCTTCACAGAGTT 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7236 AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGGCACACTCTTCCTTCACAGGGTT 7295

Qy  1321 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGCTGTGTGGAGA 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7296 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGCTGTGTGGAGA 7355

Qy  1381 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 1440
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7356 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 7415

Qy  1441 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTACCAACACATGGCTACGGTGGCACTACTAGCCTC 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7416 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTACCAACACATGGCTACGGTGGCACTACTAGCCTC 7475

Qy  1501 ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGGATAAGAAGGGGTGACCAATAGTTCAGAGTCATTCT 1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7476 ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGGATAAGAAGGGGTGACCAATAGTTCAGAGTCATTCT 7535

Qy  1561 GGATGCAAGGGCTCCAGAGACCATGATTAGAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7536 GGATGCAAGGGCTCCAGAGACCATGATTAGAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 7595

Qy  1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCAGTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 1680
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7596 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCAGTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 7655

Qy  1681 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC 1740
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7656 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC 7715

Qy  1741 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCCCATCTCCAGCTGCCAGGTG 1800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7716 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCCCATCTCCAGCTGCCAGGTG 7775

Qy  1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAA 1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAA 7835

Qy  1861 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAGGTCAACCTG 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7836 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAGGTCAACCTG 7895

Qy  1921 CCAGTTTTGTGTGTGGTAGAACTCATGAGACTTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7896 CCAGTTTTGTGTGTGGTAGAACTCATGAGACTTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 7955

Qy  1981 CCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTGTGTGCCCCCCAATT 2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7956 CCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTGTGTGCCCCCCAATT 8015

Qy  2041 CATATGGGATGATGATCAGAGCAGTTCAGTGATGACGACACAGAGGGTTTGTTGTGCAAAGGTGAG 2100
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8016 CATATGGGATGATGATCAGAGCAGTTCAGTGATGACGACACAGAGGGTTTGTTGTGCAAAGGTGAG 8075

Qy  2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 2160
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8076 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 8135

Qy  2161 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACGACCTACTCTGAGGAA 2220
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8136 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACGACCTACTCTGAGGAA 8195

Qy  2221 CATATTGTATTATTGTCCTGAACAGTAAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8196 CATATGGATATTATTGTCCTGAACAGTAAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy  2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 2340
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 8315
```

```
Db  2341 GCTGTACAAATATGCTGAAAAGATGGTCAGAAAGAGAAAAACGGTATATTGCCTTTGCT 2400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8316 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGAGTGTCAGAAAGAGAAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 8375

Db  2401 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAAGAACCATGAAAATTGTCTCCAACACTGTTCACCCC 2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8376 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAAGAACCATGAAAATTGTCTCCAACACTGTTCACCC 8435

Db  2461 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGACAGCAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8436 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGACAGCAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 8495

Db  2521 CATCTGGCTCACCGTGCTCAACCAAGATTCTAGGTCCAGTCCCCACCATGTTTGGCA 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8496 CATCTGGCTCACCGTGCTCAACCAAGATTTCTAGGTCCAGTCCCCACCATGTTTGGCA 8555

Db  2581 GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAGGGAGTGCTCAGAATTCGAGGGGACATGGGTGG 2640
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8556 GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG 8615

Db  2641 GGATCAGAACTTCTGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 2700
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8616 GGATCAGAACTTCTGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 8675

Db  2701 AAGAGGCTGAGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8676 AAGAGGCTGAGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 8735

Db  2761 CCAAGGGAGGAGACTTCGAGTCTGTAAGGTCCCAGCTTCGACGTGGAATGGCCTGAG 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8736 CCAAGGGAGGAGACTTCGAGTCTGTAAGGTCCCAGCTTCGACGTGGAATGGCCTGAG 8795

Db  2821 AGGTCTAAGAATCCCGTACCCGGGAAGGGGCTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC 2880
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8796 AGGTCTAAGAATCCCGTACCCGGGAAGGGGCTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC 8855

Db  2881 AGGGGTTTGTTAGCTTGAGCTCCTGGTGGGTCCTGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 2940
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8856 AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCCTGGTGGGTCCTGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 8915

Db  2941 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGTGAATGGAATCTTCCATCTCCACTTCACTTCACCACC 3000
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8916 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGTGAATGGAATCTTCCATCTCCACTTCACTTCACCACC 8975

Db  3001 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTTCATCTCCATCTCCACTTGAGGGTAATCACC 3060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  8976 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTTCATCTCCATCTCCACTTGAGGGTAATCACC 9035

Db  3061 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCCTCGCGGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 3120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  9036 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCCTCGCGGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 9095

Db  3121 CCGAGGCCTGGGCATCATCCACTCATCAGCATCTGCGCATGCGGGCGGAGGCCGG 3180
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  9096 CCGAGGCCTGGGCATCATCCACTCATCAGCATCTGCGCATGCGGGCGGAGGCCGG 9155

Db  3181 CGCCATGACGTCATGTGACGTCAGCGTGCCGACTCCCCGTCCCCGTCGCGCAGCGCCCAA 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  9156 CGCCATGACGTCATGTGACGTCAGCGTGCCGACTCCCCGTCCCCGTCGCGCAGCGCCCAA 9215

Db  3241 CCATGAGCTGTGGACGTGGCTGCCCTCCTGGTGATGTGGCGGCCATGCGGGCGAGGCCGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  9216 CCATGAGCTGTGGACGTGGCTGCCCTCCTGGTGATGTGGCGGCCATGCGGGCGAGGCCGG 9275

Db  3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACTGAAAGGTGCTAGAGAA 3360
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACTGAAAGGTGCTAGAGAA 9335

Db  3361 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTCGGTGGCACAGAGCGCT 3420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy  9336 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTCGGTGGCACAGAGCGCT 9395
```

```
Qy    3421 GAACTTACGGGTTGCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTTCCCAGATACGAGGCA 3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9396 GAACTTACGGGTTGCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTTCCCAGATACGAGGCA 9455

Qy    3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG 3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9456 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG 9515

Qy    3541 ATGAACACCATGTGTGTCAGGAAGAGGGGTGAAGGCATGGACTCCTGTGTGTCAGA 3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9516 ATGAACACCATGTGTGTCGCAGGAAGAGGGGTGAAGGCATGGACTCCTGTGTGTCAGA 9575

Qy    3601 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 3645
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9576 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 9620
```

```
Qy       1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCAAAGATGATGAAAATGTTTGAGAGACTA 60
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5976 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCAAAGATGATGAAAATGTTTGAGAGACTA 6035

Qy      61 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT 120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6036 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT 6095

Qy     121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGGTGAAGGTCTGAAGTCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG 180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6096 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGGTGAAGGTCTGAAGTCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG 6155

Qy     181 GTTGGCTTCCGGAGCACACTATTTGACACGTTGCGACTGCTGATTTGGGTTTGGTATTTGC 240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6156 GTTGGCTTCCGGAGCACACTATTTGACACGTTGCGACTGCTGATTTGGGTTTGGTATTTGC 6215

Qy     241 TCTGAATCCTAATCGTCTGTCCTTGAGCATCTAGAAATCGAAATCTGTGGTCAGAATTCT 300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6216 TCTGAATCCTAATCGTCTGTCCTTGAGCATCTAGAAATCGAAATCTGTGGTCAGAATTCT 6275

Qy     301 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTCGCCTTCTAGGGCTCGGAGTCTGTAGT 360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6276 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTCGCCTTCTAGGGCTCGGAGTCTGTAGT 6335

Qy     361 CAGTGACCCGGTCGGCATTTCAACTTCAACTTCATATACAGTGGCTATCTTTGGTCCATGTTT 420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6336 CAGTGACCCGGTCGGCATTTCAACTTCAACTTCATATACAGTGGCTATCTTTGGTCCATGTTT 6395

Qy     421 CAACCAAACAACCGAATAAAACATTAGAACCTTCCCCACTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA 480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6396 CAACCAAACAACCGAATAAAACATTAGAACCTTCCCCACTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA 6455

Qy     481 ACCTAGGATTCTGTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATGATCCAACTTTACAT 540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6456 ACCTAGGATTCTGTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATGATCCAACTTTACAT 6515

Qy     541 TCCTTCTACGGTTATTCTACACCCTTAAAAATGCATTCCAATATATTCCCTGATT 600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6516 TCCTTCTACGGTTATTCTACACCCTTAAAAATGCATTCCAATATATTCCCTGATT 6575

Qy     601 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTGCAGTTTGCATTACATACCTGATTTA 660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6576 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTGCAGTTTGCATTACATACCTGATTTA 6635

Qy     661 CATTCTTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTGCCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6636 CATTCTTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTGCCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 6695

Qy     721 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTCAAGGGAGTCGCCAGAGTCATCCTCAGGT 780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6696 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTCAAGGGAGTCGCCAGAGTCATCCTCAGGT 6755

Qy     781 TCAGTGATTGCTGGTGTAGCCCTGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAAGCTGTTATGCTCATGCTATGG 840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6756 TCAGTGATTGCTGGTGTAGCCCTGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAAGCTGTTATGCTCATGCTATGG 6815

Qy     841 TTTATTACAGCAAAGAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGAGAAGTTGCATGGGGCAAA 900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6816 TTTATTACAGCAAAGAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGAGAAGTTGCATGGGGCAAA 6875

Qy     901 GACAAGGAGAGTCCAGTGCAGAGATTCCTGGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA 960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6876 GACAAGGAGAGTCCAGTGCAGAGATTCCTGGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA 6935

Qy     961 GCAGTATCTTCCATCACAATGCTGGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGAGAAC 1020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6936 GCAGTATCTTCCATCACAATGCTGGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGAGAAC 6995

Qy    1021 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACACCTTCATGG 1080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6996 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACACCTTCATGG 7055
```

```
RESULT 7
ABK99584
ID    ABK99584 standard; DNA; 12047 BP.
XX
AC    ABK99584;
XX
DT    21-OCT-2002  (first entry)
XX
DE    Mucin transcriptional regulatory element (TRE).
XX
KW    Adenovirus; transcriptional regulatory element; TRE; prostate; liver;
KW    breast cancer; colon cancer; antitumour; gene; ds; probasin; PB; human;
KW    rat; carcinoembryonic antigen; prostate-specific antigen; ADP;
KW    adenovirus death protein; glandular kallikrein.
XX
OS    Unidentified.
XX
PN    US2002068049-A1.
XX
PD    06-JUN-2002.
XX
PF    06-DEC-2000; 2000US-00732169.
PR    10-SEP-1998;  98US-00151376.
XX
PA    (HEND/) HENDERSON D R.
PA    (SCHU/) SCHUUR E R.
XX
PI    Henderson DR,  Schuur ER;
XX
DR    WPI; 2002-582468/62.
XX
PT    Novel adenovirus vector comprises adenovirus gene under transcriptional
PT    control of cell-type specific transcriptional response element for
PT    conferring selective toxicity on target cell and for suppressing tumor
PT    growth.
XX
PS    Disclosure; Fig 17; 83pp; English.
XX
CC    The invention relates to an adenovirus vector (AV) comprising an AV gene
CC    under transcriptional control of a cell type-specific transcriptional
CC    regulatory element (TRE) and optionally a first AV gene under control of
CC    a first cell type-specific TRE and a second gene under control of a
CC    second cell type-specific TRE, where the first and second cell type-
CC    specific TREs are substantially identical. When the vector is introduced
CC    into a cell (e.g. prostate cell, liver cell, breast cancer cell or colon
CC    cancer cell) it allows the cell type-specific TRE to function, resulting
CC    in cytotoxicity. The vector is useful for suppressing tumour growth of a
CC    target cell. This sequence represents a polynucleotide used in the scope
CC    of the invention
XX
SQ    Sequence 12047 BP; 3051 A; 2484 C; 2869 G; 3643 T; 0 U; 0 Other;

Query Match       100.0%;  Score 3645;  DB 6;  Length 12047;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 3645;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;
```

```
Qy   1081  CTGAACTTGACTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCCAACATT  1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7056  CTGAACTTGACTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCCAACATT  7115

Qy   1141  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACACAG  1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7116  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACACAG  7175

Qy   1201  GCACTCTAAACAGCAGGCAGATATTTCAAAAGCTTAGAGAGTGACCTCCCAGAGGCTGAATGC  1260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7176  GCACTCTAAACAGCAGGCAGATATTTCAAAAGCTTAGAGAGTGACCTCCCAGAGGCTGAATGC  7235

Qy   1261  AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCACACTCCTTCCTTCACAGGGTT  1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7236  AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCACACTCCTTCCTTCACAGGGTT  7295

Qy   1321  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGTGAGACACCAGCACATGTGCTGGCTGTGTGGAGA  1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7296  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGTGAGACACCAGCACATGTGCTGGCTGTGTGGAGA  7355

Qy   1381  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG  1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7356  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG  7415

Qy   1441  CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGGTGGGCACTACTAGCCTC  1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7416  CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGGTGGGCACTACTAGCCTC  7475

Qy   1501  ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGACTGTGATAAGAAGGAGT  1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7476  ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGACTGTGATAAGAAGGAGT  7535

Qy   1561  GGATGCAAGGGCTCCAGAGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7536  GGATGCAAGGGCTCCAGAGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  7595

Qy   1621  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT  1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7596  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT  7655

Qy   1681  TTGAGGTTATCTCAGACTTCTTCAGACTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC  1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7656  TTGAGGTTATCTCAGACTTCTTCAGACTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC  7715

Qy   1741  TCTCCCCTTCTTACTGCCCCACTCTTCCCAGCTCCCAGTCTGGCCCAGGTG  1800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7716  TCTCCCCTTCTTACTGCCCCACTCTTCCCAGCTCCCAGTCTGGCCCAGGTG  7775

Qy   1801  AAAAAAGAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  1860
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7776  AAAAAAGAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  7835

Qy   1861  CATATGGGATGATCAGAGAGCAGTTCAGTGATGGACACAGAGGGGTTTGTGTGGCAAAGTGAG  1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7836  CATATGGGATGATCAGAGAGCAGTTCAGTGATGGACACAGAGGGGTTTGTGTGGCAAAGTGAG  7895

Qy   1921  CCAGTTTGTGTCTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC  1980
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7896  CCAGTTTGTGTCTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC  7955

Qy   1981  CCACAGCTAAGGAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTGTTCACATTTTGCCCCCCAATT  2040
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7956  CCACAGCTAAGGAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTGTTCACATTTTGCCCCCCAATT  8015

Qy   2041  CATATGGGATGATCAGAGAGCAGTTCAGTGATGGACACAGAGGGGTTTGTGTGGCAAAGTGAG  2100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8016  CATATGGGATGATCAGAGAGCAGTTCAGTGATGGACACAGAGGGGTTTGTGTGGCAAAGTGAG  8075

Qy   2101  CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAGAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8076  CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAGAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  8135

Qy   2161  TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGAGACCTACTCTGGAGGAA  2220


Qy   8136  TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGAGACCTACTCTGGAGGAA  8195

Qy   2221  CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAAATAGACGTTAACTTT  2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8196  CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAAATAGACGTTAACTTT  8255

Qy   2281  ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGCATACCATCTTGTCAAGGCTATCT  2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8256  ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGCATACCATCTTGTCAAGGCTATCT  8315

Qy   2341  GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT  2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8316  GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT  8375

Qy   2401  CAGAAGACACACAGAAACATAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC  2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8376  CAGAAGACACACAGAAACATAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC  8435

Qy   2461  AGAGCCTTCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA  2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8436  AGAGCCTTCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA  8495

Qy   2521  CATCTGGCTTCACCTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCCACCAGTTCCCACCATGTTGGCA  2580
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8496  CATCTGGCTTCACCTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCCACCAGTTCCCACCATGTTTGGCA  8555

Qy   2581  GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG  2640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8556  GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG  8615

Qy   2641  GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCTGAACTCTTAAATCC  2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8616  GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCTGAACTCTTAAATCC  8675

Qy   2701  AAGAGGCTGGAGTGAATGTCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC  2760
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8676  AAGAGGCTGGAGTGAATGTCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC  8735

Qy   2761  CCAAGGGAGGAGGAGACTGGTGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGGTACTGACGTGGAATGGCCTGAG  2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8736  CCAAGGGAGGAGGAGACTGGTGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGGTACTGACGTGGAATGGCCTGAG  8795

Qy   2821  AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCCGGGAGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC  2880
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8796  AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCCGGGAGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC  8855

Qy   2881  AGGGGTTTGTTAGCTTGGTGTGTGAGACTCCTGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGACTGGAACCATT  2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8856  AGGGGTTTGTTAGCTTGGTGTGTGAGACTCCTGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGACTGGAACCATT  8915

Qy   2941  GGCTCCAGGGTTTGGTGTGATGGAAGGTAATGGCATCCCAGATTCCAAAGGGTCAGAGGACT  3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8916  GGCTCCAGGGTTTGGTGTGATGGAAGGTAATGGCATCCCAGATTCCAAAGGGTCAGAGGACT  8975

Qy   3001  GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTAACTTCTTCCACTTGAGGGTAATCACC  3060
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8976  GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTAACTTCTTCCACTTGAGGGTAATCACC  9035

Qy   3061  TACTCCTTCTAGTTCCACAAGAGTCGCGCCTGCGCCCGAGTATAATCTGCACAATGTGCCATGTC  3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9036  TACTCCTTCTAGTTCCACAAGAGTCGCGCCTGCGCCCGAGTATAATCTGCACAATGTGCCATGTC  9095

Qy   3121  CCGAGGCCTGGGCGGCATCATCATCAGCATCATCAGCATCTGCGCATGCGGAGGCCGG  3180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9096  CCGAGGCCTGGGCGGCATCATCATCAGCATCATCAGCATCTGCGCATGCGGAGGCCGG  9155

Qy   3181  CGCCATGACGTCATGTGAGCTGCGACTATCCCGTCCCGGCGGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA  3240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9156  CGCCATGACGTCATGTGAGCTGCGACTATCCCGTCCCGGCGGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA  9215

Qy   3241  CCATGAGCTGTGGAGCTGTGCCTCCCGTGGTGGACGTGGGCTGCCAGGCCGGGG  3300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  9216 CCATGGAGCTGTGGACGTGCGTCCCCTGGTCGGATGTGGCCTGCCTGGTGTCCAGGCCGGGG 9275

Qy  3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCAGGAGAAACCACGAGAAACCAGGACTGAAAAGTGCTAGAGAA 3360
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCAGGAGAAACCACGAGAAACCAGGACTGAAAAGTGCTAGAGAA 9335

Qy  3361 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGGCACAGGAGCCT 3420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db  9336 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTCGGTGGAGGGCACAGGAGCCT 9395

Qy  3421 GAACTTACGGGTTTGGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9396 GAACTTACGGGTTTGGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 9455

Qy  3481 CTGTGCCAGCATCAGTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCCTG 3540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9456 CTGTGCCAGCATCAGTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCCTG 9515

Qy  3541 ATGAACACCATGGTGTGTGCAGGAGAGGGGGTGAAGGACATGGAGACTCCTGTGTGGTCAGA 3600
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9516 ATGAACACCATGGTGTGTGCAGGAGAGGGGGTGAAGGACATGGAGACTCCTGTGTGGTCAGA 9575

Qy  3601 GCCCAGAGGGGGCCATGACACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGGACTGGC 3645
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db  9576 GCCCAGAGGGGGCCATGACACGGGTGGGGAGGAGGGTGTGGGACTGGC 9620
```

RESULT 8
ACD07307

```
ID  ACD07307 standard; DNA; 12047 BP.
XX
AC  ACD07307;
XX
DT  07-AUG-2003  (first entry)
XX
DE  Human glandular kallikrein (hKLK) TRE.
XX
KW  Adenoviral vector; adenovirus gene; transcriptional control; TRE;
KW  cell type-specific; transcriptional response element; PSA; hKLK;
KW  prostate-specific antigen; glandular kallikrein; probastin; PB;
KW  carcinoembryonic antigen; CEA; mucin-like glycoprotein DF3; MUC1;
KW  cytotoxicity; neoplasia; tumour growth; gene therapy; cytostatic; human;
KW  ds.
XX
OS  Homo sapiens.
XX
PN  US2003044383-A1.
XX
PD  06-MAR-2003.
XX
PF  10-SEP-1998;  98US-00151376.
XX
PR  27-JUN-1995;  95US-00495034.
PR  20-AUG-1996;  96US-00699753.
PR  03-MAR-1997;  97US-0039597P.
PR  03-MAR-1997;  97US-0039599P.
PR  03-MAR-1997;  97US-0039762P.
PR  03-MAR-1997;  97US-0039763P.
PR  02-MAR-1998;  98US-00033333.
PR  02-MAR-1998;  98US-00033428.
PR  02-MAR-1998;  98US-00033555.
XX
PA  (HEND/) HENDERSON D R.
PA  (SCHU/) SCHUUR E R.
XX
PI  Henderson DR,  Schuur ER;
XX
DR  WPI; 2003-456547/43.
XX
PT  New adenovirus vector for transfecting target host cells, comprises an
PT  adenovirus gene under transcriptional control of a cell type-specific
PT  transcriptional response element.
XX
```

```
PS  Disclosure; Fig 16; 83pp; English.
XX
CC  The present invention relates to adenoviral vectors comprising an
CC  adenovirus gene under transcriptional control of a cell type-specific
CC  transcriptional response element (TRE). Example TREs given in the
CC  specification include human prostate-specific antigen (PSA) TRE, human
CC  glandular kallikrein (hKLK) TRE, rat probastin (PB) TRE, human
CC  carcinoembryonic antigen (CEA) TRE, and human mucin-like glycoprotein DF3
CC  (MUC1) TRE. The modified adenovirus vector is useful as a vehicle for
CC  introducing new genetic capability, particularly associated with
CC  cytotoxicity for treating neoplasia. For example, the vector may be used
CC  in a target cell to suppress tumour growth, or to kill the target cell.
CC  The vector is particularly useful in gene therapy. The present sequence
CC  represents a TRE
XX
SQ  Sequence 12047 BP; 3051 A; 2484 C; 2869 G; 3643 T; 0 U; 0 Other;
```

```
Query Match          100.0%;   Score 3645;   DB 7;   Length 12047;
Best Local Similarity 100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 3645;   Conservative 0;   Mismatches 0;   Indels 0;   Gaps 0;

Qy    1 GGGCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAAAATGTTGAGAACTA 60
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5976 GGGCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAAAATGTTGAGAACTA 6035

Qy   61 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT 120
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6036 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT 6095

Qy  121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGCATCGAAGCTTGGCTTCGAAGCTTGGG 180
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6096 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGCATCGAAGCTTGGCTTCGAAGCTTGGG 6155

Qy  181 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGGTCAGAATCT 240
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6156 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGGTCAGAATTCT 6215

Qy  241 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGGTCAGAATTCT 300
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6216 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGGTCAGAATTCT 6275

Qy  301 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTGCCTTCTGGTTCTGCCTTCTGGTTCTGGTCTGTAGT 360
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6276 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTGCCTTCTGGTTCTGCCTTCTGGTCTGTAGT 6335

Qy  361 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTCATATACAGTGGGCTATCTTTGTGCCATGTTT 420
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6336 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTGGTCCATGTTT 6395

Qy  421 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCTAGCTGCAATGTTAA 480
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6396 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCTAGCTGCAATGTTAA 6455

Qy  481 ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCATCCAACTTTACAT 540
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6456 ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCATCCAACTTTACAT 6515

Qy  541 TCCTTCTACGGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCTGATT 600
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6516 TCCTTCTACGGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCTGATT 6575

Qy  601 CTACCTATATATGGCTTTCTCAGTTGCATTAACATACCTGATTTA 660
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6576 CTACCTATATATGGCTTTCTCAGTTGCATTAACATACCTGATTTA 6635

Qy  661 CATTCTTTTACTTTAAAGTGGAATAAGAATAGAGTCCCTCGCAGAGTTCAGGAGTTCTCCAAGA 720
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6636 CATTCTTTTACTTTAAAGTGGAATAAGAATAGAGTCCCTCGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 6695

Qy  721 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGAGCATCGCCAAGATCATCCTCAGGT 780
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6696 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGAGCATCGCCAAGATCATCCTCAGGT 6755
```

```
Db 3601 GCCCAGAGGGGGCCATGACACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGGACTGGC 3645
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9576 GCCCAGAGGGGGCCATGACACGGGTGGGGAGGAGGGTGTGGGACTGGC 9620
```

```
Qy   781 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG  840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6756 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG 6815

Qy   841 TTTATTACAGACAAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGGCAA  900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6816 TTTATTACAGACAAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGGCAA 6875

Qy   901 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCGTGTGTTCCCCAGTGGTTCATGGGAAA     960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6876 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCGTGTGTTCCCCAGTGGTTCATGGGAAA    6935

Qy   961 GCAGTATCTTCCTACATCACAATGATGTGTGATAATATTCAGTGATTGCCAATCAGGGAAC 1020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6936 GCAGTATCTTCCTACATCACAATGATGTGTGATAATATTCAGTGATTGCCAATCAGGGAAC 6995

Qy  1021 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGAGATGTCGACCACCTTCATGG  1080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6996 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGAGATGTCGACCACCTTCATGG  7055

Qy  1081 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGTAGGCTGTAACCCACACATT 1140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7056 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGTAGGCTGTAACCCACACATT 7115

Qy  1141 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCACATCCCAGTGTCGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG 1200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7116 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCACATCCCAGTGTCGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG 7175

Qy  1201 GCACTCTAAACAGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGAGAGTGAATGC  1260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7176 GCACTCTAAACAGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGAGAGTGAATGC  7235

Qy  1261 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTT 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7236 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTT 7295

Qy  1321 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGACATGTCTGCTGTTGGAGA    1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7296 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGACATGTCTGCTGTTGGAGA    7355

Qy  1381 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGCATGGCTTCAG 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7356 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGCATGGCTTCAG 7415

Qy  1441 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7416 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 7475

Qy  1501 ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGAGGGGGTGACCAATAGTTCAGAGTCATTCT 1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7476 ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGAGGGGGTGACCAATAGTTCAGAGTCATTCT 7535

Qy  1561 GGATGCAAGGGGCTCCAGAGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7536 GGATGCAAGGGGCTCCAGAGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  7595

Qy  1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7596 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 7655

Qy  1681 TTGAGGTTATCTCAGAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGATCCTACAGGGGAGAAAA 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7656 TTGAGGTTATCTCAGAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGATCCTACAGGGGAGAAAA 7715

Qy  1741 TCTCCCCTTCACTGTCTACTGCCCACTCTTCCCACTCTTCCCAGCTCCAGCTGGCCAGGTG 1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7716 TCTCCCCTTCACTGTCTACTGCCCACTCTTCCCACTCTTCCCAGCTCCAGCTGGCCAGGTG 7775

Qy  1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGATCCTACAGGGGAGAAAA  1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGATCCTACAGGGGAGAAAA  7835

Qy  1861 AAAAAAGAGACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7836 AAAAAAGAGACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  7895

Qy  1921 CCAGTTTGTCGTGTGTGTAGAACTCATGAGACTCCTGGTCAGAGGCAAAGACTTTTATTAC 1980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7896 CCAGTTTGTCGTGTGTGTAGAACTCATGAGACTCCTGGTCAGAGGCAAAAGACTTTTATTAC 7955

Qy  1981 CCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCAATT 2040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7956 CCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCAATT 8015

Qy  2041 CATATGGGATGATGATCAGAGCAGTTCAGTGGATGCAGAGGACACAGAGTTGTGGCAAAGGTGAG 2100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8016 CATATGGGATGATGATCAGAGCAGTTCAGTGGATGCAGAGGACACAGAGTTTGTGGCAAAGGTGAG 8075

Qy  2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8076 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  8135

Qy  2161 TGTATCTGACGGAGATATATCTTTATATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA  2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8136 TGTATCTGACGGAGATATATCTTTATATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA  8195

Qy  2221 CATATTGTATTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTAACTTT  2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8196 CATATTGTATTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTAACTTT  8255

Qy  2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACTAGACTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT  2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACTAGACTGAAGGCGATACCATCTTCGAAGGCTATCT  8315

Qy  2341 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 2400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8316 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 8375

Qy  2401 CAGAAGACACACAGAAACATAAGGAACCATGAAAATGTCTCCCAACACTGTTCACCC    2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8376 CAGAAGACACACAGAAACATAAGGAACCATGAAAATGTCTCCCAACACTGTTCACCC    8435

Qy  2461 AGAGCCTTCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCCTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA  2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8436 AGAGCCTTCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCCTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA  8495

Qy  2521 CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTCTAGGTCCAGTTCCCATGTTTGGGCTC   2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8496 CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTCTAGGTCCAGTTCCCATGTTTGGGCA   8555

Qy  2581 GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGAACTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG  2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8556 GTGCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAACTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG 8615

Qy  2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGAGGGGCTGAAGGAGGAGG             2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8616 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGAGGGGCTGAAGGAGGAGG             8675

Qy  2701 AAGAGGCTTGGTTAGCTTGAGACTGTCCTTGGAGGTGAAATGTCTTGAACTCTTAAATCC 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8676 AAGAGGCTTGGTTAGCTTGAGACTGTCCTTGGAGGTGAAATGTCTTGAACTCTTAAATCC 8735

Qy  2761 CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCGAGGTTCCGAGGTACGTGGGAATGGCCTGAG   2820
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8736 CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCGAGGTTCCGAGGTACGTGGGAATGGCCTGAG   8795

Qy  2821 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC  2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8796 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC  8855

Qy  2881 AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGTCAGAAGCAAGCAAGGACTGGAACCATT      2940
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8856 AGGGGTTTGTTGAGACTCCTTGTCAGGACTCCTGGGAAGCAAGGACTCGAACCATT      8915

Qy  2941 GGCTCCAGGGTTGGTGTGAAGTAATGGCATTCCTGATTCTCAAAAGGCTCAGAGGACT   3000
```

```
Db   8916 GGCTCCAGGGTTGGTGTGGAAGGTAATGGATCCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 8975

Qy   3001 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTCCATCCACTCCACTTCCACTTCCACTTGAGGGTAATCACC 3060
          |||||||||||||||||||||| |||||| |||||  |||| ||||||||||||||
Db   8976 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTTCATTTCCATTCCACTTCCACTTGAGGGTAATCACC 9035

Qy   3061 TACTCTTCTAGTTCCACAAAGAGTGCGGCTCGCGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 3120
          |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9036 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGGCTCGCGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 9095

Qy   3121 CCGAGGCCTGGGGCATCATCCACTCACTCATCATCAGCATCTGCGCTATGCGGGGCGAGGCCGG 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9096 CCGAGGCCTGGGGCATCATCCACTCACTCATCATCAGCATCTGCGCTATGCGGGGCGAGGCCGG 9155

Qy   3181 CGCCATGAGCGTCATGTAGCTGGGACTATCCCTGCAGCGCGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 3240
          |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9156 CGCCATGAGCGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGCGCCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 9215

Qy   3241 CCATGAGGCGTGTGGACGTGCGTCCCCCTGGTGGATGTGGCCTGGCGTGGTGCCAGGCCGGGG 3300
          |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9216 CCATGGAGGCGTGTGGACGTGCGTCCCCCTGGTGGATGTGGCCTGGCGTGGTGCCAGGCCGGGG 9275

Qy   3301 CCTGGTGTCCCATAAAGATCCTAGAACCCACAGGAAACCACAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9276 CCTGGTGTCCCATAAAGATCCTAGAACCCACAGGAAACCACAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 9335

Qy   3361 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTCGGGTGGAGGGCACAGGAGCCT 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9336 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTCGGGTGGAGGGCACAGGAGCCT 9395

Qy   3421 GAACTTACGGGTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTCCAGATACGAGGCA 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9396 GAACTTACGGGTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 9455

Qy   3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGGACTACCCAGGACCCTG 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9456 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGGACTACCCAGGACCCTG 9515

Qy   3541 ATGAACACCATGGTCTGTGTGCGAGGAAGAGGGGGTGAAGGCATGGACTCCTGTGTGGTCAGA 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9516 ATGAACACCATGGTCTGTGTGCGAGGAAGAGGGGGTGAAGGCATGGACTCCTGTGTGGTCAGA 9575

Qy   3601 GCCCAGGGGGGCCATGACGGGTGGGAGGAGGCTGTGACTGGC 3645
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9576 GCCCAGGGGGGCCATGACGGGTGGGAGGAGGCTGTGACTGGC 9620
```

RESULT 9
AAX24755

```
ID   AAX24755 standard; DNA; 12047 BP.
XX
AC   AAX24755;
XX
DT   21-JUN-1999 (first entry)
XX
DE   Human glandular kallikrein hKLK2 gene promoter/enhancer region.
XX
KW   Enhancer; glandular kallikrein-1; hGK-1; hKLK2; human; prostate cancer;
KW   therapy; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key            Location/Qualifiers
FT   enhancer       1..9765
FT                  /tag= a
FT                  /note= "(-12014 to -2257 relative to transcription start
FT                  site); specifically claimed in Claim 20"
FT   enhancer       5976..9620
FT                  /tag= b
FT                  /note= "(-6038 to -2394 relative to transcription start
FT                  site); specifically claimed in Claim 2"
FT   enhancer       6859..8627
FT                  /tag= c
FT   enhancer       7200..8371
FT                  /tag= d
FT                  /note= "(-5155 to -3387 relative to transcription start
FT                  site); specifically claimed in Claim 3"
FT   enhancer       8021..8371
FT                  /tag= e
FT                  /note= "(-4814 to -3643 relative to transcription start
FT                  site); specifically claimed in Claim 24"
FT   misc_signal    8192..8296
FT                  /tag= f
FT                  /function= "androgen response element"
XX
PN   WO9906576-A1.
XX
PD   11-FEB-1999.
XX
PF   04-AUG-1998;   98WO-US016312.
XX
PR   04-AUG-1997;   97US-0054523P.
PR   02-MAR-1998;   98US-0076545P.
PR   03-AUG-1998;   98US-00127834.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Yu D,  Herdenson DR,  Schuur ER;
XX
DR   WPI; 1999-153804/13.
XX
PT   New nucleic acid containing the human glandular kallikrein enhancer -
PT   providing increased expression of heterologous sequences in prostatic
PT   cells, and related adenoviral vectors for treating prostatic cancer.
XX
PS   Claim 1; Page 150-157; 179pp; English.
XX
CC   This polynucleotide comprises the promoter/enhancer region of the human
CC   glandular kallikrein (hGK-1 or hKLK2) gene. An hKLK2 enhancer, when
CC   operably linked to an hKLK2 promoter and a reporter gene, increases
CC   transcription of cis-linked sequences in prostate cells in the presence
CC   of androgen at levels 30-100 fold over the level of transcription in the
CC   absence of androgen. The hKLK2 enhancer can form part of an hKLK2
CC   transcriptional regulatory element (hKLK2-TRE), which in turn can be
CC   operably linked to a heterologous polynucleotide to effect
CC   transcriptional control of a linked gene. The hKLK2-TRE is useful for
CC   effecting cell-specific expression, e.g. in cells of the prostate, thus
CC   enabling the directed expression of a desired gene in these cells. The
CC   hKLK2-TRE can be incorporated into a replication-competent adenovirus
CC   vector so that the hKLK2-TRE controls expression of at least one
CC   adenoviral gene, preferably one that contributes to cytotoxicity. Such
CC   vectors are useful for treatment of cancers such as prostate cancer.
CC   Methods for conferring selective cytotoxicity on a cell and for screening
CC   compounds for the treatment of prostate cancer are claimed
XX
SQ   Sequence 12047 BP; 3053 A; 2482 C; 2870 G; 3642 T; 0 U; 0 Other;

Query Match             93.3%;  Score 3400;  DB 2;  Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 3400;  Conservative  0;  Mismatches  0;  Indels  0;  Gaps  0;

Qy    246 ATCCTAATGTCGTCCTGAGCCATCTAGAATCTGGTCAGAATCTGGTCAGAATTCTATTAT 305
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6221 ATCCTAATGTCGTCCTGAGCCATCTAGAATCTGGTCAGAATCTGGTCAGAATTCTATTAT 6280

Qy    306 CTTGAGTAGGACATCCCAGTCCGTTCTCGCCTTCCAGGGCTGGAGTCGTCGAGTCAGTG 365
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6281 CTTGAGTAGGACATCCCAGTCCGTTCTCGCCTTCCAGGGCTGGAGTCGTCGAGTCAGTG 6340

Qy    366 ACCCGGTCTGGCATTCAACTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTTCAACC 425
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6341 ACCCGGTCTGGCATTCAACTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTTCAACC 6400
```

```
Qy  7481 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       ACAGAGGAAAGGACTGTGGATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGGATG 7540

Qy  1566 CAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGCTGCGAGAAATTATGGCTGGATGTC 1625
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7541 CCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCAGCTCCCAGCTCCCAGCTGGCCAGTGTAGCC 7600

Qy  1626 TCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTGACTTTGAG 1685
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7601 TCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTGACTTTGAG 7660

Qy  1686 GTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGAGACCCATCATCAATCTCTCTGTCTCCTCC 1745
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7661 GTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGAGACCCATCATCAATCTCTCTGTCTCCTCC 7720

Qy  1746 CCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCAGCTCCCAGCTCCCAGCTGGCCAGTGTAGCC 1805
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7721 CCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCAGCTCCCAGCTCCCAGCTGGCCAGTGTAGCC 7780

Qy  1806 ACAGTACCTAACTCTTTGACGAGAACTATAAATGTATCCTTACAGGGGAGAAAAAAAAA 1865
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7781 ACAGTACCTAACTCTTTGACGAGAACTATAAATGTATCCTTACAGGGGAGAAAAAAAAA 7840

Qy  1866 AAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGT 1925
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7841 AAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGT 7900

Qy  1926 TTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACA 1985
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7901 TTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTCCCACA 7960

Qy  1986 GCTAAGGAGGCAGCAGTCAGGTGATGAGAGTACTAGCAAACTTGTTCAGTCTTGTGTAT 2045
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7961 GCTAAGGAGGCAGCAGTCAGGTGATGAGAGTACTAGCAAACTTGTTCAGTCTTGTGTAT 8020

Qy  2046 GGGATGATCAGAGAGCAGTCAGGTGATGAGTGAAAGGTAGGGGTTGTGGCAAAGGTGAGCAACC 2105
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    8021 GGGATGATCAGAGAGCAGTCAGGTGATGAGTGAAAGGTAGGGGTTGTGGCAAAGGTGAGCAACC 8080

Qy  2106 TAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTTATAAGAGGTACTAGCAACTTGTCCAGTCTTTGTAT 2165
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    8081 TAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTTATAAGAGGTACTAGCAACTTGTCCAGTCTTTGTAT 8140

Qy  2166 CTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGAACATAT 2225
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    8141 CTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGAACATAT 8200

Qy  2226 TGTATTTATTGTCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTTATTAT 2285
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    8201 TGTATTTATTGTCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTTATTAT 8260

Qy  2286 CTAAGGCAGTAAGCAACCTAGATCTGAGGCGATCATCTTGCAAGGCTATCTGCTGT 2345
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    8261 CTAAGGCAGTAAGCAACCTAGATCTGAGGCGATCATCTTGCAAGGCTATCTGCTGT 8320

Qy  2346 ACAAATATGCTTGAAAAGAATGGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCTTGCTTCAGAA 2405
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    8321 ACAAATATGCTTGAAAAGAATGGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCTTGCTTCAGAA 8380

Qy  2406 GACACACAGAAGAAACATAAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAAACTGTTCACCCAGAGC 2465
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    8381 GACACACAGAAGAAACATAAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAAACTGTTCACCCAGAGC 8440

Qy  2466 CTTCACCTCTGTCTGCGCAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCACATCT 2525
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    8441 CTTCACCTCTGTCTGCGCAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCACATCT 8500

Qy  2526 GGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAGTTCCCACATGTTTGGCAGTGCC 2585
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    8501 GGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAGTTCCCACCATGTTTGGCAGTGCC 8560

Qy  2586 CCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAGTGCTTCAGAATTCCAGGGGACATGGTGGGGATC 2645
```

```
Qy   426 AAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAAACCTA 485
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6401 AAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAAACCTA 6460

Qy   486 GGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACATTCCTT 545
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6461 GGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTTACATTCCTT 6520

Qy   546 CTACCGGTTATTCTACACCCACCTTAAAAAATGCATTCCCAATAATATTCCCTGGATTCTACC 605
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6521 CTACCGGTTATTCTACACCCACCTTAAAAAATGCATTCCCAATAATATTCCCTGGATTCTACC 6580

Qy   606 TATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTCTCAGTTGCATTGCATTAACATACCTGATTTACATTC 665
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6581 TATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTCTCAGTTGCATTGCATTAACATACCTGATTTACATTC 6640

Qy   666 TTTTACTTTAAAGTGGAAAATAAGAGTCCCTGCGAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGATGGCC 725
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6641 TTTTACTTTAAAGTGGAAAATAAGAGTCCCTGCGAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGATGGCC 6700

Qy   726 CTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGTTCAGT 785
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6701 CTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGTTCAGT 6760

Qy   786 GATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGTGTTATGCTCATGGCTATGGTTTAT 845
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6761 GATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGTGTTATGCTCATGGCTATGGTTTAT 6820

Qy   846 TACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAAGACAA 905
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6821 TACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAAGACAA 6880

Qy   906 GGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCTCCCAGTGGTGCATCGGAAAGCAGT 965
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6881 GGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCTCCCAGTGGTGCATCGGAAAGCAGT 6940

Qy   966 ATCTTCTCCATCACAATGTAGCTGTGATAATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAACTCAAC 1025
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    6941 ATCTTCTCCATCACAATGTAGCTGTGATAATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAACTCAAC 7000

Qy  1026 TGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGAGACATGTCAACAGATGTAACCGTGAA 1085
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7001 TGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGAGACATGTCAACAGATGTAACCGTGAA 7060

Qy  1086 CTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCGTCTGATAGGCTGTAACCCAACATGTCAC 1145
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7061 CTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCGTCTGATAGGCTGTAACCCAACATGTCAC 7120

Qy  1146 CATAAATCACATTGTTAGACTCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAAACACAGGCACT 1205
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7121 CATAAATCACATTGTTAGACTCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAAACACAGGCACT 7180

Qy  1206 CTAAACAGGCAGAGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGA 1265
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7181 CTAAACAGGCAGAGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGA 7240

Qy  1266 CCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTACCGCACACTCTTCCTTCACAGGGTTATTGT 1325
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7241 CCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTACCGCACACTCTTCCTTCACAGGGTTATTGT 7300

Qy  1326 GAGGATCAAATGTGGTCATGTCGTGTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAGCACTC 1385
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7301 GAGGATCAAATGTGGTCATGTCGTGTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAGCACTC 7360

Qy  1386 TTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAGCACTC 1445
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7361 TTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAGCACTC 7420

Qy  1446 ACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTACTGGCCTCATTTG 1505
Db       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    7421 ACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTACTGGCCTCATTTG 7480

Qy  1506 ACAGAGGAAAGGACTGTGGATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGGATG 1565
```

```
ID    AAX24772 standard; DNA; 1172 BP.
XX
AC    AAX24772;
XX
DT    21-JUN-1999 (first entry)
XX
DE    Human glandular kallikrein hKLK2 gene enhancer.
XX
KW    Enhancer; glandular kallikrein-1; hGK-1; hKLK2; human; prostate cancer;
KW    therapy; androgen response element; ARE; ss.
XX
OS    Homo sapiens.
XX
FH    Key             Location/Qualifiers
FT    misc_signal     993..1007
FT                    /*tag= a
FT                    /function= "androgen response element"
XX
PN    WO906576-A1.
XX
PD    11-FEB-1999.
XX
PF    04-AUG-1998;    98WO-US016312.
XX
PR    04-AUG-1997;    97US-0054523P.
PR    02-MAR-1998;    98US-0076545P.
PR    03-AUG-1998;    98US-0127834.
XX
PA    (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI    Yu D, Herdenson DR, Schuur ER;
XX
DR    WPI; 1999-153804/13.
XX
PT    New nucleic acid containing the human glandular kallikrein enhancer -
PT    providing increased expression of heterologous sequences in prostatic
PT    cells, and related adenoviral vectors for treating prostatic cancer.
XX
PS    Claim 4; Page 168; 179pp; English.
XX
CC    This polynucleotide comprises nucleotides 7200-8371 of the 5' flanking
CC    region of the human glandular kallikrein (hKLK2) gene (see AAX24755).
CC    This comprises a claimed enhancer region including a putative androgen
CC    response element (ARE). Mutation of this ARE (see AAX24773 and AAX24774)
CC    was shown to affect enhancer function. hKLK2 enhancers of the invention
CC    have been shown to increase the transcription of cis-linked coding
CC    sequences in prostate cells. Methods of using DNA constructs comprising
CC    the enhancers to control transcription of heterologous polynucleotides
CC    are provided. Adenoviral vectors in which one or more genes are under
CC    transcriptional control of a hKLK2 transcription regulatory element are
CC    claimed, and can be used to confer selective cytotoxicity in mammalian
CC    cells for use e.g. in the treatment of prostate cancer
XX
SQ    Sequence 1172 BP; 334 A; 257 C; 268 G; 313 T; 0 U; 0 Other;
```

```
Query Match             32.2%;  Score 1172;  DB 2;  Length 1172;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 1172;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Db   8561  CCACTGCCAACCCAGATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGTGGGGATC  8620
                                                                                     
Qy   2646  AGAACTTCTGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGGAGAGAG  2705
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8621  AGAACTTCTGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGGAGAGAG  8680

Qy   2706  GCTGGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCCCCAAG  2765
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8681  GCTGGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCCCCAAG  8740

Db   2766  GGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGGAATGGCCTGAGAGGTC  2825
                                                                                     
Qy   8741  GGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGGAATGGCCTGAGAGGTC  8800

Qy   2826  TAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGCAGGGG  2885
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8801  TAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGCAGGGG  8860

Qy   2886  TTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATTGGCTC  2945
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8861  TTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATTGGCTC  8920

Qy   2946  CAGGGTTTGGTGTGGAAGGTAATGGATCTCTGATTCTCAAAGGTCAGAGGACTGAGAG  3005
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8921  CAGGGTTTGGTGTGGAAGGTAATGGATCTCTGATTCTCAAAGGTCAGAGGACTGAGAG  8980

Qy   3006  TTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTACTCCTTACTCCTTGAGGGTAATCACCTACTC  3065
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8981  TTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTACTCCTTACTCCTTGAGGGTAATCACCTACTC  9040

Qy   3066  TTCTAGTTCACAAGAGTGCGCCTGCGCAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTCCCGAG  3125
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9041  TTCTAGTTCACAAGAGTGCGCCTGCGCAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTCCCGAG  9100

Qy   3126  GCCTGGGGCATCATCACTCACTCATCAGCATCTGCGTATGCGGGCGAGGCCGCGCCA  3185
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9101  GCCTGGGGCATCATCACTCACTCATCAGCATCTGCGTATGCGGGCGAGGCCGCGCCA  9160

Qy   3186  TGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGGCGCCTCTCCCGTCACGTCCAACCATG  3245
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9161  TGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGGCGCCTCTCCCGTCACGTCCAACCATG  9220

Qy   3246  GAGCTGGACGACTGCGTCCCTGGTGGATGTGGCTGGCCTGGCCAGCCGGGGCGGGCCTGG  3305
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9221  GAGCTGTGGACGACTGCGTCCCTGGTGGATGTGGCTGGCCTGGCCAGCCGGGGCGGGCCTGG  9280

Qy   3306  TGTCCGATAAAGATCCTAGAACCAGAGAAACCAGGACTGAAAGTGCTAGAGAATGGCC  3365
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9281  TGTCCGATAAAGATCCTAGAACCAGAGAAACCAGGACTGAAAGTGCTAGAGAATGGCC  9340

Qy   3366  ATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGGCCACAGGAGCCTGAACT  3425
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9341  ATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGGCCACAGGAGCCTGAACT  9400

Qy   3426  TACGGGTTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCCAAGTGAGTCTCCCCAGGATACGAGGCACTGTG  3485
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9401  TACGGGTTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCCAAGTGAGTCTCCCCAGGATACGAGGCACTGTG  9460

Qy   3486  CCAGCACATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCCAGGACCCTGATGAA  3545
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9461  CCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCCAGGACCCTGATGAA  9520

Qy   3546  CACCATGGTGTGTGCAGGAAGAGGGGGTGAAGGCATGAGCCTGTGTGTGTCAGAGCCCA  3605
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9521  CACCATGGTGTGTGCAGGAAGAGGAGGGGTGAAGGCATGAGCCTGTGTGTGTCAGAGCCCA  9580

Qy   3606  GAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  3645
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9581  GAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  9620
```

```
RESULT 10
AAX24772
```

```
Qy   1225  CAAAAGCTTAGAGATGAACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAAGACCTGCCTCTTTGGGCCAAG  1284
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1  CAAAAGCTTAGAGATGAACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAAGACCTGCCTCTTTGGGCCAAG  60

Qy   1285  GAGAATCCTTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGTCAT  1344
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61  GAGAATCCTTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGTCAT  120

Qy   1345  GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT  1404
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121  GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT  180

Qy   1405  GCTGAGTGCTAAGAAACTATTAGGCATGGCTTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCC  1464
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

DT   23-NOV-1999 (first entry)
XX
DE   hKLK2 enhancer of construct CN390.
XX
KW   prostate; cancer; drug assay; drug development; enhancer; promoter;
KW   tumour; kallikrein; androgen regulation; prostate specific antigen;
KW   construct; ss.
XX
OS   Synthetic
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9941413-A2.
XX
PD   19-AUG-1999.
XX
PF   11-FEB-1999;   99WO-US003117.
XX
PR   12-FEB-1998;   98US-00022732.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Henderson DR, Lamparski HG,   Schuur ER,   Yu DC;
XX
DR   WPI; 1999-527378/44.
XX
PT   Screening for compounds which inhibit prostate cancer using a cell line
PT   containing a marker whose expression is responsive to therapeutically
PT   active compounds.
XX
PS   Claim 6; Page 49; 50pp; English.
XX
CC   This is the nucleotide sequence of the hKLK2 enhancer region contained in
CC   construct CN390. hKLK2 is a member of the kallikrein family, as is the
CC   prostate specific antigen (PSA), a chymotrypsin like protein that is
CC   synthesized exclusively by normal, hyperplastic, and malignant prostatic
CC   epithelia. This tissue specific nature of PSA makes it an excellent
CC   biomarker for identifying benign prostatic hyperplasia (BPH) and
CC   prostatic carcinoma (CaP). Elevated levels of PSA are indicative of BPH
CC   or CaP. Like PSA, hKLK2 is expressed exclusively in the prostate and is
CC   up regulated by androgens, primarily by transcription activation. The
CC   proteins also exhibit a high degree of amino acid sequence identity and
CC   contain similar regulatory elements. The characterisation of genes whose
CC   expression is limited to the prostate allows the development of screening
CC   methods which can identify substances capable of specifically altering
CC   the expression of prostate-specific genes
XX
SQ   Sequence 1172 BP; 334 A; 257 C; 268 G; 313 T; 0 U; 0 Other;

Query Match   32.2%;   Score 1172;   DB 2;   Length 1172;
Best Local Similarity 100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 1172;   Conservative   0;   Mismatches   0;   Indels   0;   Gaps   0;

```
Qy   1225 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGAGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCCTTGGGCAAG 1284
          | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGAGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCCTTGGGCAAG 60

Qy   1285 GAGAATCCTTTACCGCACACTCTCTTCCTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGTCAT 1344
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 GAGAATCCTTTACCGCACACTCTCTTCCTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGTCAT 120

Qy   1345 GTGTGTGAGACACCAGCACCACATGTCTGGCTGTGGGAGAGTGACTTCCATGTGTGCTAACATT 1404
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GTGTGTGAGACACCAGCACCACATGTCTGGCTGTGGGAGAGTGACTTCCATGTGTGCTAACATT 180

Qy   1405 GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCATGGACATGGTTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCC 1464
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCATGGACATGGTTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCC 240

Qy   1465 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGG 1524
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGG 300

Qy   1525 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCTGGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACC 1584
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCTGGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACC 360

Qy   1585 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGATGTCTTCTGCCCCGGAAAGGGGGA 1644
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGATGTCTTCTGCCCCGGAAAGGGGGA 420

Qy   1645 TGCACTTTCCTTGCACCCCCTATCTCAGATCTTTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCT 1704
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 TGCACTTTCCTTGCACCCCCTATCTCAGATCTTTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCT 480

Qy   1705 ATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCCTCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGC 1764
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCCTCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGC 540

Qy   1765 CCACTCTTCCCCAGCTCCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC 1824
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 CCACTCTTCCCCAGCTCCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC 600

Qy   1825 AGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 1884
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 660

Qy   1885 ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA 1944
          |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db    661 ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAACGTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA 720

Qy   1945 TGAGACTTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTACCCAGCTAAGGAGGCAGCATGAA 2004
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db    721 TGAGACTTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAA 780

Qy   2005 CTTTGTGTTCACATTGTTCACTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC 2064
          ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Db    781 CTTTGTGTTCACATTGTTCACTTGCCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC 840

Qy   2065 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGTTAGAAATCCTCAA 2124
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGTTAGAAATCCTCAA 900

Qy   2125 TCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCCAGTCTTCTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT 2184
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 TCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCCAGTCTTCTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT 960

Qy   2185 TATAATTGGGTTGAAAGGCAGACCTACTCTGGAGGAACATATTGTATTTATTGTCCTGAAC 2244
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TATAATTGGGTTGAAAGGCAGACCTACTCTGGAGGAACATATTGTATTTATTGTCCTGAAC 1020

Qy   2245 AGTAAACAAATCTGCTGAAAATAGACGTAACTTAACTTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACC 2304
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 AGTAAACAAATCTGCTGAAAATAGACGTAACTTAACTTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACC 1080

Qy   2305 TAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCTGCTGTACAAATATGCTTGAAAAGA 2364
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 TAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCTGCTGTACAAATATGCTTGAAAAGA 1140

Qy   2365 TGGTCCAGAAAGAAAACGGTATTATTGCCTT 2396
          |||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 TGGTCCAGAAAGAAAACGGTATTATTGCCTT 1172
```

RESULT 11
AZ06494
ID   AAZ06494 standard; DNA; 1172 BP.
XX
AC   AAZ06494;
XX

```
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO20012763-A1.
XX
PD   09-MAR-2000.
XX
PF   02-SEP-1999;        99WO-US020097.
XX
PR   02-SEP-1998;        98US-00146325.
XX
PA   (UYRP ) UNIV ROCHESTER.
XX
PI   Frelinger JG,   Barth RK,   Wei C,   Callahan BP,   Lord EM;
XX
DR   WPI; 2000-237890/20.
XX
PT   Isolated nucleic acid for treating subject having or at risk of having
PT   prostate disorder, such as prostate tumor comprises a distal enhancer
PT   element 2.
XX
PS   Claim 2a; Fig 3; 51pp; English.
XX
CC   This is the nucleotide sequence of distal enhancer element 2 (DEE2), a
CC   novel regulatory element of the human prostate specific antigen (PSA)
CC   gene. In vivo, DEE2 is located in the intergenic region between the PSA
CC   gene and the glandular kallikrein (hK2) gene, from about -5.2 kb to -3.6
CC   kb relative to the transcriptional start site of the hK2 gene on
CC   chromosome 19. The invention provides a nucleic acid construct including
CC   DEE2 operably linked to a nucleic acid sequence encoding a heterologous
CC   protein. Expression vectors, host cells and transgenic mice including the
CC   construct are also provided. A method for producing a transgenic animal
CC   having a phenotype characterised by expression of a transgene in the
CC   prostate involves introducing a transgene including DEE2 into an embryo
CC   of the animal. A method for providing transcription of a nucleic acid
CC   sequence in a prostate cell of an animal involves introducing into the
CC   cell a nucleic acid construct comprising DEE2 operably associated with a
CC   nucleic acid sequence which encodes a product such as a biologically
CC   active polypeptide, a cytotoxic agent, an antisense RNA or a ribozyme.
CC   The invention also provides a method of treating a subject having, or at
CC   risk of, a prostate disorder (e.g. a tumour) by administering a
CC   therapeutically effective amount of a nucleic acid construct including
CC   DEE2
XX
SQ   Sequence 1558 BP; 440 A; 371 C; 339 G; 408 T; 0 U; 0 Other;

Query Match             30.6%;    Score 1114;    DB 3;    Length 1558;
Best Local Similarity   99.6%;    Pred. No. 0;
Matches 1554;    Conservative   0;    Mismatches   4;    Indels   2;    Gaps   2;

Qy   1064 GTCGACCACCTTCATGGCTGAACTTAGTACTTAGTACTTAGCCCCTCCAGAGCGTCTACAGCTCTGATA 1123
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 GTCGACCACCTTCATGGCTGAACTTAGTACTTAGTACTTAGCCCCTCCAGAGCGTCTACAGCTCTGATA 60

Qy   1124 GGCTGTAACCCAACATTGTCACCATAAATCATTGTTAGACTATTCCAGTGTGTGCCCAAG 1183
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 GGCTGTAACCCAACATTGTCACCATAAATCATTGTTAGACTATTCCAGTGTGTGCCCAAG 120

Qy   1184 CTCCCGTGTAAACACAGGCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACC 1243
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| -|||||||||||||
Db    121 CTCCCGTGTAAACACAGGCACTCTAAACAGGCAGGATATTTC-AAAGCTTAGAGATGACC 179

Qy   1244 TCCCAGGAGGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTGGCCAAGGAGAATCCTTTACCGCACA 1303
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Db    180 TCTCAGGAGGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTGGCCAAGGAGAATCCTTTACTGCACA 239

Qy   1304 CTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGTGAGACACCAGCAC 1363
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    240 CTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGTGAGACACCAGCAC 299

Qy   1364 ATGTCTGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTA 1423
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    300 ATGTCTGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTA 359
```

```
Db    301 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGGATGCAAGGGGTCCCAGAGGACC 360
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Qy   1585 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGGATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGA 1644
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGGATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGA 420

Qy   1645 TGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACTTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCT 1704
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 TGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACTTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCT 480

Qy   1705 ATGATACCAGGAGCCCATCATCTCTCTGTGTCCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGC 1764
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTGTGTCCTCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGC 540

Qy   1765 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC 1824
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC 600

Qy   1825 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 1884
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 660

Qy   1885 ACATTTTACGGACTTGAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGTGAACTCA 1944
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 ACATTTTACGGACTTGAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGTGAACTCA 720

Qy   1945 TGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCAGTGAA 2004
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCAGTGAA 780

Qy   2005 CTTTGTGTTCACATTGTTCACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC 2064
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 CTTTGTGTTCACATTGTTCACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC 840

Qy   2065 AGGTGGATGACACAGGGGTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA 2124
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AGGTGGATGGACACAGGGGTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA 900

Qy   2125 TCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTGTATCTGACGGGACATATTATCTT 2184
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 TCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTGTATCTGACGGGACATATTATCTT 960

Qy   2185 TATAATTGGGTTGAAAGCAACAGACCTACTCTGAGGAACATATTGTATTTATTGTCCTGAAC 2244
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGAGGAACATATTGTATTTATTGTCCTGAAC 1020

Qy   2245 AGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACAGTTAACTTATTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACC 2304
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  -1021 AGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACAGTTAACTTATTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACC 1080

Qy   2305 TAGAATCGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCTGCTACAAATATGCTTGAAAGA 2364
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 TAGAATCGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCTGCTACAAATATGCTTGAAAGA 1140

Qy   2365 TGGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCCTT 2396
             |||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 TGGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCCTT 1172
```

```
RESULT 12
AAZ94285
AAZ94285
ID   AAZ94285 standard; DNA; 1558 BP.
XX
AC   AAZ94285;
XX
DT   03-JUL-2000   (first entry)
XX
DE   Human prostate specific antigen distal enhancer element 2.
XX
KW   DEE2; distal enhancer element 2; prostate specific antigen; human;
KW   tumour; cancer; gene therapy; diagnosis; chromosome 19; ds.
XX
```

```
Qy   1439 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1439 CATTAGTGTGTCTACCACCATCTGGCTTCACCGTGCTAACCGTGCCAACCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTC 1498
Db

Qy   2564 CCCCACCATGTTGGCAGTGCCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTC 2623

Db   1499 CCCCACCATGTTGGCAGTGCCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTC 1558
```

RESULT 13
AAX24774
ID   AAX24774 standard; DNA; 1172 BP.
XX
AC   AAX24774;
XX
DT   21-JUN-1999 (first entry)
XX
DE   Human glandular kallikrein hKLK2 gene enhancer with mutated ARE.
XX
KW   Enhancer; glandular kallikrein-1; hGK-1; hKLK2; human; prostate cancer;
KW   therapy; androgen response element; mutant; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
OS   Synthetic.
XX
FH   Key   Location/Qualifiers
FT   mutation   replace(993..1007, GCAGAATATTCGAAT)
FT   /*tag= a
FT   /note= "mutated androgen response element"
XX
PN   WO9906576-A1.
XX
PD   11-FEB-1999.
XX
PF   04-AUG-1998;   98WO-US016312.
XX
PR   04-AUG-1997;   97US-0054523P.
PR   02-MAR-1998;   98US-0076545P.
PR   03-AUG-1998;   98US-00127834.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Yu D, Herdenson DR,   Schuur ER;
XX
DR   WPI; 1999-153804/13.
XX
PT   New nucleic acid containing the human glandular kallikrein enhancer -
PT   providing increased expression of heterologous sequences in prostatic
PT   cells, and related adenoviral vectors for treating prostatic cancer.
XX
PS   Example 7; Page 170; 179pp; English.
XX
CC   This polynucleotide is based on nucleotides 7200-8371 of the 5' flanking
CC   region of the human glandular kallikrein (hKLK2) gene (see AAX24755), but
CC   the putative androgen response element (ARE) of the native sequence (see
CC   AAX24772) has been mutated. This mutation was shown to affect the
CC   enhancer function of this region of the hKLK2 gene. hKLK2 enhancers of
CC   the invention have been shown to increase the transcription of cis-linked
CC   coding sequences in prostate cells. Methods of using DNA constructs
CC   comprising the enhancers to control transcription of heterologous
CC   polynucleotides are provided. Adenoviral vectors in which one or more
CC   genes are under transcriptional control of a hKLK2 transcription
CC   regulatory element are claimed, and can be used to confer selective
CC   cytotoxicity in mammalian cells for use e.g. in the treatment of prostate
CC   cancer
XX
SQ   Sequence 1172 BP; 335 A; 258 C; 268 G; 311 T; 0 U; 0 Other;

Query Match   27.2%; Score 993; DB 2; Length 1172;
Best Local Similarity   100.0%; Pred. No. 0;
Matches 993; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   0; Gaps   0;

Qy   1225 CAAAGCTTAGAGATGACCTCCAGGAGTCAAAGACCTGAATGCAAGAGAGTGACCTGCCTCTTTGGGCAAG 1284
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Qy   1424 TTAGGCATGGCTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACACACATGGCTACAGGG 1483
          |||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    360 TTAGGGATGGCTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACACACATGGCTACAGGG 419

Qy   1484 TGGGCACTACTAGCCTCATTGACAGAGGACTGTGATAGAAGGGGTGACCAA 1543
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    420 TGGGCACTACTAGCCCTCATTTGACAGAGGACTGTGGATAAGAAGGGGTGACCAA 479

Qy   1544 TAGGTCAGAGTCATTCGGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGCTCTGC 1603
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    480 TAGGTCAGAGTCATTCGGATCCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGCTCTGC 539

Qy   1604 AGAGAAATTATGCTGGATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTCCTTGACCCCC 1663
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    540 AGAGAAATTATGCTGGATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTCCTTGACCCCCC 599

Qy   1664 TATCTCAGATCTTGACTTTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCATGATACCAGGAGCCCATC 1723
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    600 TATCTCAGATCTTGACTTTGAGGTTATCCTCAGACTTCCTCATGATACCAGGAGCCCATC 659

Qy   1724 ATAAATCCTCGTGTCCTCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCCAT 1783
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    660 ATAAATCCTCGTGTCCTCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCCAT 719

Qy   1784 CTCCAGCTGGCCAGGTGTGAGCCACAGTACCTAACTCTTTCAGAGAACTATAAATGTGTA 1843
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    720 CTCCAGCTGGCCAGGTGTGAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTA 779

Qy   1844 TCCTACAGGGGAGAAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAA 1903
          ||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    780 TCCTACAGGGGAG-AAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAA 838

Qy   1904 ACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTCGTGAGACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAG 1963
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    839 ACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTCGTGCTGAGACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAG 898

Qy   1964 GCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCCATGAGACTTTGTGTTCACATTTGTT 2023
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    899 GCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCCATGAGACTTTGTGTTCACATTTGTT 958

Qy   2024 CACTTTGCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGATGACACAGGGG 2083
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    959 CACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGATGACACAGGGG 1018

Qy   2084 TTTGTGGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAG 2143
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1019 TTTGTGGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAGGTACTAG 1078

Qy   2144 CAAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCA 2203
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1079 CAAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCA 1138

Qy   2204 GACCTACTCTGGAGGAACATATATTGTAATTATTGTCCTGAAACAGTAAACAAATCTGCTGTA 2263
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1139 GACCTACTCTGGAGGAACATATATTGTAATTATTGTCCTGAAACAGTAAACAAATCTGCTGTA 1198

Qy   2264 AAATAGACGTAACTTAATTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACC 2323
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1199 AAATAGACGTTAACTTTATTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCCTAGATCTGAAGGCGATACC 1258

Qy   2324 ATCTTGCAAGGCTATCTGTACAAATATGCTTGAAAGATGGTCAGAAAAGAAAACG 2383
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1259 ATCTTGCAAGGCTATCTGTACAAATATGCTTGAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACG 1318

Qy   2384 GTATTATTGCCTTTGCTTGCCTTTGCTCAGAAGACACACAGAAACATAAGAAACATGGAAAATTGTCT 2443
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1319 GTATTATTGCCTTTGCTTGCCTTTGCTCAGAAGACACACAGAAACATAAGAAACATGGAAAATTGTCT 1378

Qy   2444 CCCAACACTGTTCACCCGAGCCTTCACCTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCAT 2503
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1379 CCCAACACTGTTCACCCGAGCCTTCACCTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCAT 1438

Qy   2504 CATTAGTGTGTCTACCACCATCTGGCTTCACCGTGCTAACCGTGCTAGTGGTCCCAGTT 2563
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
DT   21-JUN-1999  (first entry)
XX
DE   Human glandular kallikrein hKLK2 gene enhancer with mutated ARE.
XX
KW   Enhancer; glandular kallikrein-1; hGK-1; hKLK2; human; prostate cancer;
KW   therapy; androgen response element; mutant; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
OS   Synthetic.
XX
FH   Key                Location/Qualifiers
FT   mutation           replace(993..1007, GTACTATATTACAGT)
FT                      /*tag= a
FT                      /note= "mutated androgen response element"
XX
PN   WO9906576-A1.
XX
PD   11-FEB-1999.
XX
PF   04-AUG-1998;       98WO-US016312.
XX
PR   04-AUG-1997;       97US-0054523P.
PR   02-MAR-1998;       98US-0076545P.
PR   03-AUG-1998;       98US-00127834.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Yu D,    Herdenson DR,    Schuur ER;
XX
DR   WPI; 1999-153804/13.
XX
PT   New nucleic acid containing the human glandular kallikrein enhancer -
PT   providing increased expression of heterologous sequences in prostatic
PT   cells, and related adenoviral vectors for treating prostatic cancer.
XX
PS   Example 7; Page 169; 179pp; English.
XX
CC   This polynucleotide is based on nucleotides 7200-8371 of the 5' flanking
CC   region of the human glandular kallikrein (hKLK2) gene (see AAX24755), but
CC   the putative androgen response element (ARE) of the native sequence (see
CC   AAX24772) has been mutated. This mutation was shown to affect the
CC   enhancer function of this region of the hKLK2 gene. hKLK2 enhancers of
CC   the invention have been shown to increase the transcription of cis-linked
CC   coding sequences in prostate cells. Methods of using DNA constructs
CC   comprising the enhancers to control transcription of heterologous
CC   polynucleotides are provided. Adenoviral vectors in which one or more
CC   genes are under transcriptional control of a hKLK2 transcription
CC   regulatory element are claimed, and can be used to confer selective
CC   cytotoxicity in mammalian cells for use e.g. in the treatment of prostate
CC   cancer
XX
SQ   Sequence 1172 BP; 334 A; 258 C; 267 G; 313 T; 0 U; 0 Other;

Query Match     27.2%;  Score 993;  DB 2;  Length 1172;
Best Local Similarity   100.0%;
Matches  993;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy   1225 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCCAAG 1284
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCCAAG 60

Qy   1285 GAGAATCCTTACCGCACCACCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT 1344
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 GAGAATCCTTACCGCACCACCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT 120

Qy   1345 GTGTGTGAGACACCAGCACACCAGCACCTCTTCATGTGTGCTAACATT 1404
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GTGTGTGAGACACCAGCACACCAGCACCTCTTCATGTGTGCTAACATT 180
```

```
Db      1 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAG 60

Qy   1285 GAGAATCCTTACCGCACCACCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGCTGTCAT 1344
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 GAGAATCCTTACCGCACCACCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGCTGTCAT 120

Qy   1345 GTGTGTGAGACACCAGCACACCAGCACCTCTTCATGTGTGCTAACATT 1404
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GTGTGTGAGACACCAGCACACCAGCACCTCTTCATGTGTGCTAACATT 180

Qy   1405 GCTCAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGG 1464
          |||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 GCTCAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGG 240

Qy   1465 TCACACAATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGG 1524
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TCACACAATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGG 300

Qy   1525 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGGATGCAAGGGCTCCAGAGGACC 1584
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGGATGCAAGGGCTCCAGAGGACC 360

Qy   1585 ATGATTAGACATTGTCTGCGAGAGAAATTATGGCTGAGATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGA 1644
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGATTAGACATTGTCTGCGAGAGAAATTATGGCTGAGATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGA 420

Qy   1645 TGCACTTCCTGACCCCCTATCTCAGATCTTGAGACTTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCT 1704
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 TGCACTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGAGACTTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCT 480

Qy   1705 ATGATACCAGGAGCCCATCATAATCCTCTGTGTCCTCCCCCTTCCTCAGTCTTACTGC 1764
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ATGATACCAGGAGCCCATCATAATCCTCTGTGTCCTCCCCCTTCCTCAGTCTTACTGC 540

Qy   1765 CCACTCTTCCCAGTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGAGCCAGGTGACCACAGTACCTAACTCTTTGC 1824
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 CCACTCTTCCCAGTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGAGCCAGGTGACCACAGTACCTAACTCTTTGC 600

Qy   1825 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 1884
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 660

Qy   1885 ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCCAGTTTGTGCTGCTGGTAGAACTCA 1944
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCCAGTTTGTGCTGCTGGTAGAACTCA 720

Qy   1945 TGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTATTACCCACCAGCTAAGGAGGCAGCAGTGAA 2004
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TGAGACCCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTATTACCACCAGCTAAGGAGGCAGCAGTGAA 780

Qy   2005 CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC 2064
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC 840

Qy   2065 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGCGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA 2124
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGCGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCA 900

Qy   2125 TCTTATAAGAAGGTACTAGACAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTTATCTT 2184
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 TCTTATAAGAAGGTACTAGACAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTTATCTT 960

Qy   2185 TATAAATTGGGTTGAAAGCAGACCAGACCCTACTCTCGGAG 2217
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TATAAATTGGGTTGAAAGCAGACCAGACCCTACTCTCGGAG 993
```

RESULT 14
AAX24773
```
ID   AAX24773 standard; DNA; 1172 BP.
XX
AC   AAX24773;
XX
```

```
XX
PF   11-FEB-1999;   99WO-US003117.
XX
PR   12-FEB-1998;   98US-00022732.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Henderson DR,  Lamparski HG,  Schuur ER,  Yu DC;
XX
DR   WPI; 1999-527378/44.
XX
PT   Screening for compounds which inhibit prostate cancer using a cell line
PT   containing a marker whose expression is responsive to therapeutically
PT   active compounds.
XX
PS   Claim 6; Page 50; 50pp; English.
XX
CC   This is the nucleotide sequence of the hKLK2 enhancer region contained in
CC   construct CN457. hKLK2 is a member of the kallikrein family, as is the
CC   prostate specific antigen (PSA), a chymotrypsin like protein that is
CC   synthesized exclusively by normal, hyperplastic, and malignant prostatic
CC   epithelia. This tissue specific nature of PSA makes it an excellent
CC   biomarker for identifying benign prostatic hyperplasia (BPH) and
CC   prostatic carcinoma (CaP). Elevated levels of PSA are indicative of BPH
CC   or CaP. Like PSA, hKLK2 is expressed exclusively in the prostate and is
CC   up regulated by androgens, primarily by transcription activation. The
CC   proteins also exhibit a high degree of amino acid sequence identity and
CC   contain similar regulatory elements. The characterisation of genes whose
CC   expression is limited to the prostate allows the development of screening
CC   methods which can identify substances capable of specifically altering
CC   the expression of prostate-specific genes
XX
SQ   Sequence 1172 BP; 334 A; 258 C; 267 G; 313 T; 0 U; 0 Other;

Query Match             27.2%;  Score 993;  DB 2;  Length 1172;
Best Local Similarity   100.0%;
Matches  993;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy   1225 CAAAGCTTAGAGATGACCTCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCCTCTTGGGCAAG 1284
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 CAAAGCTTAGAGATGACCTCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCCTCTTGGGCAAG 60

Qy   1285 GAGAATCCTTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT 1344
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 GAGAATCCTTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT 120

Qy   1345 GTGTGTGAGACACCAGACACCATGTCGGCTGTGGAGTGCAGTGACTTCTATGTGTGCAACATT 1404
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GTGTGTGAGACACCAGACACCATGTCGGCTGTGGAGTGCAGTGACTTCTATGTGTGCAACATT 180

Qy   1405 GCTGAGTGCTGAAGAAGTATTAGGCATGGCATGGCTTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCC 1464
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 GCTGAGTGCTGAAGAAGTATTAGGCATGGCATGGCTTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCC 240

Qy   1465 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTGACAAGGAAGGACTGTGG 1524
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTGACAAGGAAGGACTGTGG 300

Qy   1525 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCAGAGAAATTATGCTGGAGTGTCTTG 1584
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCAGAGAAATTATGCTGGAGTGTCTTG 360

Qy   1585 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGGAGTGTCTTGCCCCGGAAAGGGGGA 1644
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGGAGTGTCTTGCCCCGGAAAGGGGGA 420

Qy   1645 TGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACTTTGACTTCTCTCGTCTTTACTGC 1704
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 TGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACTTTGACTTCTCTCGTCTTTACTGC 480

Qy   1705 ATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTCTCCCCCTTCCTCTACTGC 1764
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTCTCCCCCTTCCTCTACTGC 540
```

```
Qy   1465 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTGACAGAGGAAAGGACTGTGG 1524
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTGACAGAGGAAAGGACTGTGG 300

Qy   1525 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGAAATTATGGCTGGAGTGTCTTGCCCCGGAAAGGGGGA 1584
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGAAATTATGGCTGGAGTGTCTTGCCCCGGAAAGGGGGA 360

Qy   1585 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGGAGTGTCTTGCCCCGGAAAGGGGGA 1644
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGGAGTGTCTTGCCCCGGAAAGGGGGA 420

Qy   1645 TGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACTTTGACTTCTCTCGTCTTTACTGC 1704
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 TGCACTTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACTTTGACTTCTCTCGTCTTTACTGC 480

Qy   1705 ATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTCTCCCCCTTCCTCTACTGC 1764
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTCTCCCCCTTCCTCTACTGC 540

Qy   1765 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC 1824
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC 600

Qy   1825 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAGACTCTGAAAGAGCTG 1884
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAAGACTCTGAAAGAGCTG 660

Qy   1885 ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA 1944
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA 720

Qy   1945 TGAGACTTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAA 2004
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TGAGACTTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAA 780

Qy   2005 CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC 2064
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC 840

Qy   2065 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAAATCCTCAA 2124
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAAATCCTCAA 900

Qy   2125 TCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT 2184
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 TCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT 960

Qy   2185 TATAATTGGGTTGAAAGCAGACCAGACCTACTCTGGAG 2217
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TATAATTGGGTTGAAAGCAGACCAGACCTACTCTGGAG 993
```

```
RESULT 15
AAZ06495
ID   AAZ06495 standard; DNA; 1172 BP.
XX
AC   AAZ06495;
XX
DT   23-NOV-1999  (first entry)
XX
DE   hKLK2 enhancer of construct CN457.
XX
KW   prostate; cancer; drug assay; drug development; enhancer; promoter;
KW   tumour; kallikrein; androgen regulation; prostate specific antigen;
KW   construct; ss.
XX
OS   Synthetic.
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO941413-A2.
XX
PD   19-AUG-1999.
```

```
CC    prostate specific antigen (PSA), a chymotrypsin like protein that is
CC    synthesized exclusively by normal, hyperplastic, and malignant prostatic
CC    epithelia. This tissue specific nature of PSA makes it an excellent
CC    biomarker for identifying benign prostatic hyperplasia (BPH) and
CC    prostatic carcinoma (CaP). Elevated levels of PSA are indicative of BPH
CC    or CaP. Like PSA, hKLK2 is expressed exclusively in the prostate and is
CC    up regulated by androgens, primarily by transcription activation. The
CC    proteins also exhibit a high degree of amino acid sequence identity and
CC    contain similar regulatory elements. The characterisation of genes whose
CC    expression is limited to the prostate allows the development of screening
CC    methods which can identify substances capable of specifically altering
CC    the expression of prostate-specific genes
XX
SQ    Sequence 1172 BP; 335 A; 258 C; 268 G; 311 T; 0 U; 0 Other;

Query Match             27.2%;  Score 993;  DB 2;  Length 1172;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 993;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy   1225 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAG 1284
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAG 60

Qy   1285 GAGAATCCTTACCGCCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT 1344
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 GAGAATCCTTACCGCCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT 120

Qy   1345 GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT 1404
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT 180

Qy   1405 GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCC 1464
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCC 240

Qy   1465 TCAAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTTGACAGAGAAGGACTGTGG 1524
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TCAAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTCATTTGACAGAGAAGGACTGTGG 300

Qy   1525 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGATGCAAGGGGCTCCAGAGACC 1584
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGATGCAAGGGGCTCCAGAGACC 360

Qy   1585 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGAATGTCTCGCCCCGAAAAGGGGGA 1644
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGAATGTCTCGCCCCGAAAAGGGGGA 420

Qy   1645 TGCACTTCCTTGACCCCTATCTGACTTTGAGTTATCTCAGACTTCCTCT 1704
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 TGCACTTCCTTGACCCCTATCTGACTTTGAGTTATCTCAGACTTCCTCT 480

Qy   1705 ATGATACCAGGAGCCCATCATCATATATCTCGTGTCTCCCCTTCCCCTTCCTTACTGC 1764
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ATGATACCAGGAGCCCATCATCATATATCTCGTGTCTCCCCTTCCCCTTCCTTACTGC 540

Qy   1765 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCAGTACCTAACTCTTTGC 1824
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCAGTACCTAACTCTTTGC 600

Qy   1825 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 1884
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 660

Qy   1885 ACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA 1944
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 ACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA 720

Qy   1945 TGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAA 2004
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAA 780

Qy   2005 CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTGCCCCCAATTCATATCATATGGATGATCAGAGCAGTTC 2064
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Qy   1765 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCAGTACCTAACTCTTTGC 1824
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCAGTACCTAACTCTTTGC 600

Qy   1825 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 1884
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 660

Qy   1885 ACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA 1944
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 ACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA 720

Qy   2005 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA 2064
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA 900

Qy   2125 TCTTATAGAGAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT 2184
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 TCTTATAGAGAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT 960

Qy   2185 TATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAG 2217
          |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAG 993
```

```
RESULT 16
AA206496
ID   AA206496 standard; DNA; 1172 BP.
XX
AC   AA206496;
XX
DT   23-NOV-1999 (first entry)
XX
DE   hKLK2 enhancer of construct CN458.
XX
KW   prostate; cancer; drug assay; drug development; enhancer; promoter;
KW   tumour; kallikrein; androgen regulation; prostate specific antigen;
KW   construct; ss.
XX
OS   Synthetic.
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9941413-A2.
XX
PD   19-AUG-1999.
XX
PF   11-FEB-1999;  99WO-US003117.
PR   12-FEB-1998;  98US-0022732.
XX
PA   (CALY-) CALYDON INC.
XX
PI   Henderson DR, Lamparski HG, Schuur ER, Yu DC;
XX
PR   WPI; 1999-527378/44.
XX
PT   Screening for compounds which inhibit prostate cancer using a cell line
PT   containing a marker whose expression is responsive to therapeutically
PT   active compounds.
XX
PS   Claim 6; Page 50; 50pp; English.
XX
CC   This is the nucleotide sequence of the hKLK2 enhancer region contained in
CC   construct CN458. hKLK2 is a member of the kallikrein family, as is the
```

```
Db    781  CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC  840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   2065  AGGTGGATGGACACAGGGGTTGTGGCAAAGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA  2124
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841  AGGTGGATGGACACAGGGGTTGTGGCAAAGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA  900

Qy   2125  TCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT  2184
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901  TCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT  960

Qy   2185  TATAATTGGGTGAAAGCAGACCTACTCTGGAG  2217
                ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961  TATAATTGGGTGAAAGCAGACCTACTCTGGAG  993
```

RESULT 17

AAF82694

```
ID   AAF82694 standard; DNA; 204 BP.
XX
AC   AAF82694;
XX
DT   18-JUN-2001  (first entry)
XX
DE   Glandular HK2 enhancer core sequence.
XX
KW   Androgen response element; ARE; cytostatic; gene therapy;
KW   prostate-specific chimeric enhancer; transcriptional regulation;
KW   targeted gene expression; prostate cancer; prostate disorder;
KW   prostate-specific antigen; PSA; glandular HK2; ds.
XX
OS   Unidentified.
XX
PN   WO20012726-A2.
XX
PD   19-APR-2001.
XX
PF   13-OCT-2000; 2000WO-US028444.
XX
PR   14-OCT-1999;    99US-0159691P.
PR   15-OCT-1999;    99US-0159730P.
XX
PA   (REGC ) UNIV CALIFORNIA SYSTEM.
XX
PI   Wu L,  Carey MF,  Belldegrun AS;
XX
DR   WPI; 2001-273768/28.
XX
PT   New polynucleotide, useful for treating prostatic cancer, comprises
PT   prostate specific chimeric enhancer and proximal promoter sequence
PT   operably linked to nucleic acid encoding heterologous polypeptide.
XX
PS   Claim 17; Page 80; 131pp; English.
XX
CC   The present sequence may be used in an invention relating to an isolated
CC   polynucleotide comprising a prostate-specific chimeric enhancer (PSE)
CC   sequence and a proximal promoter sequence operably linked to a nucleic
CC   acid segment that encodes a heterologous polypeptide. The PSE contains an
CC   ARE and specifically activates transcription of the nucleic acid segment
CC   in a mammalian prostate cell. The construct is useful for the treatment
CC   of a prostate disorder or a metastasised prostate cancer, such as
CC   hyperplasia or hyperproliferation of prostate cells. It is also useful
CC   for directing the tissue-specific expression of a heterologous
CC   polypeptide in a human prostate cell. The construct may be administered
CC   by injection, infection, transformation, liposome-mediated transfection,
CC   polybrene-mediated transfection, receptor-mediated uptake or Ca-PO4-
CC   mediated transformation
XX
SQ   Sequence 204 BP; 67 A; 34 C; 39 G; 64 T; 0 U; 0 Other;
```

```
Query Match             5.6%;  Score 204;  DB 5;  Length 204;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 7.9e-88;
Matches  204;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy   2158  CTTTGTATCTGACGGAGATATATTCTTTATATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAG  2217
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1  CTTTGTATCTGACGGAGATATATTCTTTATATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAG    60

Qy   2218  GAACATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAAC  2277
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61  GAACATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAAC   120

Qy   2278  TTTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCCGATACCATCTTGCAAGGCTA  2337
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121  TTTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCCGATACCATCTTGCAAGGCTA   180

Qy   2338  TCTGCTGTACAAATATGCTTGAAA  2361
                ||||||||||||||||||||||||
Db    181  TCTGCTGTACAAATATGCTTGAAA   204
```

Search completed: August 10, 2004, 21:11:18
Job time : 1303 secs

This Page Blank (uspto)

OM nucleic - nucleic search, using sw model

          GenCore version 5.1.6
      Copyright (c) 1993 - 2004 Compugen Ltd.

Run on: August 10, 2004, 13:51:43 ; Search time 8672 Seconds
                                            (without alignments)
                                            12551.620 Million cell updates/sec

Title: US-09-875-228-1_COPY_5976_9620
Perfect score: 3645
Sequence: 1 ggccctcaataattgttaag.........ggaggaggctgtggactggc 3645

Scoring table: OLIGO_NUC
                Gapop 60.0 , Gapext 60.0

Searched: 27511289 seqs, 14931090276 residues

Word size :   150

Total number of hits satisfying chosen parameters: 0

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Listing first 250 summaries

Database :   EST:*
            1: em_estba:*
            2: em_esthum:*
            3: em_estin:*
            4: em_estmu:*
            5: em_estov:*
            6: em_estpl:*
            7: em_estro:*
            8: em_htc:*
            9: gb_est1:*
           10: gb_est2:*
           11: gb_htc:*
           12: gb_est3:*
           13: gb_est4:*
           14: gb_est5:*
           15: em_esfun:*
           16: em_estom:*
           17: em_gss_hum:*
           18: em_gss_inv:*
           19: em_gss_pln:*
           20: em_gss_vrt:*
           21: em_gss_fun:*
           22: em_gss_mam:*
           23: em_gss_mus:*
           24: em_gss_pro:*
           25: em_gss_rod:*
           26: em_gss_phg:*
           27: em_gss_vrl:*
           28: gb_gss1:*
           29: gb_gss2:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
 score greater than or equal to the score of the result being printed,
 and is derived by analysis of the total score distribution.

                        SUMMARIES

         %
Result   Query
No.   Score Match Length DB ID   Description

No matches found

This Page Blank (uspto)

score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Copyright   GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 Compugen Ltd.

Run on: August 10, 2004, 13:51:43 ; Search time 13686 Seconds
                                      (without alignments)
                                      11543.574 Million cell updates/sec

Title: US-09-875-228-1_COPY_5976_9620
Perfect score: 3645
Sequence: 1 ggccctcaataattgttaag.........ggaggaggctgtggactggc 3645

Scoring table: OLIGO_NUC
                    Gapop 60.0 , Gapext 60.0

Searched: 3470272 seqs, 2167151699S residues

Word size :   150

Total number of hits satisfying chosen parameters: 16

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Listing first 250 summaries

Database :   GenEmbl:*
              1: gb_ba:*
              2: gb_htg:*
              3: gb_in:*
              4: gb_om:*
              5: gb_ov:*
              6: gb_pat:*
              7: gb_ph:*
              8: gb_pl:*
              9: gb_pr:*
             10: gb_ro:*
             11: gb_sts:*
             12: gb_sy:*
             13: gb_un:*
             14: gb_vi:*
             15: em_ba:*
             16: em_fun:*
             17: em_hum:*
             18: em_in:*
             19: em_mu:*
             20: em_om:*
             21: em_or:*
             22: em_ov:*
             23: em_pat:*
             24: em_ph:*
             25: em_pl:*
             26: em_ro:*
             27: em_sts:*
             28: em_un:*
             29: em_vi:*
             30: em_htg_hum:*
             31: em_htg_inv:*
             32: em_htg_other:*
             33: em_htg_mus:*
             34: em_htg_pln:*
             35: em_htg_rod:*
             36: em_htg_mam:*
             37: em_htg_vrt:*
             38: em_sy:*
             39: em_htgo_hum:*
             40: em_htgo_mus:*
             41: em_htgo_other:*

                                                  %
Result No.	Score	Query Match Length	DB	ID	Description
1	3645	100.0	12047	6	AR078691	AR078691 Sequence
2	3645	100.0	12047	6	AR266428	AR266428 Sequence
3	3645	100.0	12047	6	AX259951	AX259951 Sequence
4	3645	100.0	12047	6	AX262356	AX262356 Sequence
5	3645	100.0	12047	6	BD195482	BD195482 Adenoviru
6	3645	100.0	12047	6	BD224259	BD224259 Adenoviru
7	3645	100.0	12282	9	AF113169	AF113169 Homo sapi
8	2750	75.4	40458	9	AC011523	AC011523 Homo sapi
9	2750	75.4	217346	2	AC027602	AC027602 Homo sapi
10	2750	75.4	230000	9	AF243527	AF243527 Homo sapi
11	1626	44.6	34560	9	AC037199	AC037199 Homo sapi
12	1369	37.6	5002	9	AF174646	AF174646 Homo sapi
13	1172	32.2	1172	6	AR078696	AR078696 Sequence
14	993	27.2	1172	6	AR078697	AR078697 Sequence
15	993	27.2	1172	6	AR078698	AR078698 Sequence
16	171	4.7	203	6	AX113818	AX113818 Sequence

ALIGNMENTS

RESULT 1
AR078691
LOCUS   AR078691   12047 bp   DNA   linear   PAT 31-AUG-2000
DEFINITION   Sequence 1 from patent US 5964371.
ACCESSION   AR078691
VERSION   AR078691.1   GI:10005437
KEYWORDS   .
SOURCE   Unknown.
  ORGANISM   Unknown.
             Unclassified.
REFERENCE   1 (bases 1 to 12047)
  AUTHORS   McCabe.R.Paul.
  TITLE   Disposable reservoir for evaporative coolers
  JOURNAL   Patent: US 5964371-A 1 12-OCT-1999;
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1..12047
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"

ORIGIN

Query Match   100.0%; Score 3645; DB 6; Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%; Pred. No. 0;
Matches 3645;   Conservative   0; Mismatches   0; Indels   0; Gaps   0;

Qy   1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA 60
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 5976 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA 6035

Qy   61 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGCTTCAGCAGTTGGGCTT 120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6036 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGCTTCAGCAGTTGGGCTT 6095

Qy   121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGTCTGGCTTCGAACTGTGGGG 180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6096 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGTCTGGCTTCGAACTGTGGGG 6155

Qy   181 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACCATGTGATTTGGGGTTTGGTATTTGC 240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6156 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACCATGTGATTTGGGGTTTGGTATTTGC 6215

Qy   241 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGAGAATTCT 300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 6216 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGAGAATTCT 6275

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a

```
Qy   301 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTCGCCTTCTAGGGCTGGAGTCTGTAGT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6276 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTCGCCTTCTAGGGCTGGAGTCTGTAGT 6335

Qy   361 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTTGTCCATGTTT  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6336 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTTGTCCATGTTT 6395

Qy   421 CAACCAAACAACGAATAAACAACCATTAGAACCTTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6396 CAACCAAACAACGAATAAACAACCATTAGAACCTTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA 6455

Qy   481 ACCTAGGATTTCGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTACAT  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6456 ACCTAGGATTTCGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTACAT 6515

Qy   541 TCCTTCTACCGTTATTCTCTACACCCCTTAAAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6516 TCCTTCTACCGTTATTCTCTACACCCCTTAAAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT 6575

Qy   601 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA  660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6576 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA 6635

Qy   661 CATTCTTTACTTTAAAGTGAAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA  720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6636 CATTCTTTACTTTAAAGTGAAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 6695

Qy   721 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT  780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6696 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT 6755

Qy   781 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGGAACTGTATGG  840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6756 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGGAACTGTATGG 6815

Qy   841 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGCAAGGGAAGAGTTCAGCAAGGGAAGAGTTGCAAA  900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6816 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGCAAGGGAAGAGTTCAGCAAGGGAAGAGTTGCAAA 6875

Qy   901 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGTGGAAA  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6876 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGTGGAAA 6935

Qy   961 GCAGTATCTTCCCATACAACTGATGTGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGGAAC 1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6936 GCAGTATCTTCCCATACAACTGATGTGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGGAAC 6995

Qy  1021 TCAACTTAGTACTTAGCCCTCGACGTTCAGCTATCACATTGTTGCACAGACATGTGGCCCAAGTGGCC 1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6996 TCAACTTAGTACTTAGCCCTCGACGTTCAGCTATCACATTGTTGCACAGACATGTGGCCCAAGTGGCC 7055

Qy  1081 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCCAACATT 1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7056 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCCAACATT 7115

Qy  1141 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTAATCACAGTGGCCTTGGTTGCAGACTATCCAGT 1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7116 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTAATCACAGTGGCCTTGGTTGCAGACTATCCAGT 7175

Qy  1201 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTTCAGGAGACGTTGAATGC 1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7176 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTTCAGGAGACGTTGAATGC 7235

Qy  1261 AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAATCCTTTACCGCCACACTCTCCTTCACAGGGGTT 1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7236 AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAATCCTTTACCGCCACACTCTCCTTCACAGGGGTT 7295

Qy  1321 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTCGTGTGAGACACCAGCACATGTGGGGA 1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7296 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTCGTGTGAGACACCAGCACATGTGGGGA 7355

Qy  1381 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7356 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 7415

Qy  1441 CACTCACAGATGGTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAACATGGCTACTACAGCCTC 1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7416 CACTCACAGATGGTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAACATGGCTACTACAGCCTC 7475

Qy  1501 ATTTGACAGAGGAAAGACTGTGATAAGAAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT 1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7476 ATTTGACAGAGGAAAGACTGTGATAAGAAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT 7535

Qy  1561 GGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGGATTAGACATTGTCGAGAGAAATTATGGCTGG 1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7536 GGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGGATTAGACATTGTCGAGAGAAATTATGGCTGG 7595

Qy  1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT 1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7596 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT 7655

Qy  1681 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTGATGATCCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC 1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7656 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTGATGATCCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC 7715

Qy  1741 TCTCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCGATCTCCAGCTGGCCAGGTG 1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7716 TCTCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCGATCTCCAGCTGGCCAGGTG 7775

Qy  1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAA 1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAA 7835

Qy  1861 AAAAAAGAACTCTGAAAGACTTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7836 AAAAAAGAACTCTGAAAGACTTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 7895

Qy  1921 CCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCTCGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7896 CCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCTCGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 7955

Qy  1981 CCACAGCTAAGGAGCGCAGCATGAACTTGTGTTCACTTGTCCCCCAATT 2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7956 CCACAGCTAAGGAGCGCAGCATGAACTTGTGTTCACTTGTCCCCCAATT 8015

Qy  2041 CATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGTTGTCGGCACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG 2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8016 CATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGTTGTCGGCACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG 8075

Qy  2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8076 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 8135

Qy  2161 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGTTGAAAGGAGAGACACCTACTCTGGAGGAA 2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8136 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGTTGAAAGGAGAGACACCTACTCTGGAGGAA 8195

Qy  2221 CATATTGTATTATTGTCCTGACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8196 CATATTGTATTATTGTCCTGACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy  2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGCATCCATCTTGCAAGGCCATCT 2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGCATCCATCTTGCAAGGCCATCT 8315

Qy  2341 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCCTTTGCT 2400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8316 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCCTTTGCT 8375

Qy  2401 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACCATTGTCTCCAACACTGTTCACCC 2460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8376 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACCATTGTCTCCAACACTGTTCACCC 8435

Qy  2461 AGAGCCTTCCACTCTTGTTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520
```

```
Qy  3601 GCCCAGAGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 3645
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9576 GCCCAGAGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 9620


RESULT 2
AR266428
LOCUS       AR266428              12047 bp    DNA     linear   PAT 10-APR-2003
DEFINITION  Sequence 11 from patent US 6495130.
ACCESSION   AR266428
VERSION     AR266428.1  GI:2965384
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 12047)
  AUTHORS   Henderson,D.R. and Yu,D.C.
  TITLE     Target cell-specific adenoviral vectors containing E3 and methods
            of use thereof
  JOURNAL   Patent: US 6495130-A 11 17-DEC-2002;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..12047
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"

ORIGIN

Query Match             100.0%;  Score 3645;  DB 6;  Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches  3645;  Conservative  0;  Mismatches  0;  Indels  0;  Gaps  0;

Qy     1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA 60
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5976 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA 6035

Qy    61 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTGAGTGTGGGAATGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT 120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6036 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTGAGTGTGGGAATGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT 6095

Qy   121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGGCTTGGCTTGGCTCAGCAGTTTGGG 180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6096 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGGCTTGGCTTGGCTCAGCAGTTTGGG 6155

Qy   181 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACATGTGCGACTGTGCGACTGTGCGACTGTTGGTATTTGC 240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6156 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACATGTGCGACTGTGCGACTGTGCGACTGTTGGTATTTGC 6215

Qy   241 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCCAGAATCTAGAATCTGAAATTCT 300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6216 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCCAGAATCTAGAATCTGAAATTCT 6275

Qy   301 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCGTCCTTCGTCCTTCGTCGGAGTCTGTAGT 360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6276 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCGTCCTTCGTCCTTCGTCGGAGTCTGTAGT 6335

Qy   361 CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCAACTTCAACTTCAACTTCAACCTTTGGTCCATGTT 420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6336 CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCAACTTCAACTTCAACTTCAACCTTTGGTCCATGTT 6395

Qy   421 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCATTAGAACCTTTCCCACTTTCCCACTGCAATGTTAA 480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6396 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCATTAGAACCTTTCCCACTTTCCCACTGCAATGTTAA 6455

Qy   481 ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCTGATCCAACTTTACAT 540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6456 ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCTGATCCAACTTTACAT 6515

Qy   541 TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6516 TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT 6575

Qy   601 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA 660
```

```
Db  8436 AGAGCCCTTCCACTCTTGTCTGCGAGGACAGTCTTAACATCCATCATTAGTGTGTCTACCA 8495

Qy  2521 CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAGTTCCCACCACCATGTTGGCA 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8496 CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAGTTCCCACCACCATGTTGGCA 8555

Qy  2581 GTGCCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGACATGGGTGG 2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8556 GTGCCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGACATGGGTGG 8615

Qy  2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8616 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 8675

Qy  2701 AAGAGGCTGGAGGTGAATGTCTTGGAGGTGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8676 AAGAGGCTGGAGGTGAATGTCTTGGAGGTGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 8735

Qy  2761 CCAAGGGAGGAGACTGTAAGGTCCCAGCTTCGAGTACTGACGTGGGAATGGCCTGAG 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8736 CCAAGGGAGGAGACTGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGGAATGGCCTGAG 8795

Qy  2821 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8796 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 8855

Qy  2881 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCCTGGGAAGGAAGGACTGGAACCATT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8856 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 8915

Qy  2941 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCTCCTGATTCTCAAAGGGCTCAGAGGACT 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8916 GGCTCCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCTCCTGATTCTCAAAGGGCTCAGAGGACT 8975

Qy  3001 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTTCCATCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 3060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8976 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTTCCATCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 9035

Qy  3061 TACTCTTCTAGTTCCACCAAGAGTGCGCCTGCGGCGCTGCGGCGTATAATCTGCCATGTC 3120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9036 TACTCTTCTAGTTCCACCAAGAGTGCGCCTGCGGCGCTGCGGCGTATAATCTGCCATGTC 9095

Qy  3121 CCGAGGCCTGGGGCATCATCCACTCATCATTCAGCATCTGCGCGTATGCGGCGGAGGCCGG 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9096 CCGAGGCCTGGGGCATCATCCACTCATCATTCAGCATCTGCGCGTATGCGGCGGAGGCCGG 9155

Qy  3181 CGCCATGACGTCAGTCGTCATGTGCGACTATCCCGTCCCCGCCTCCGCGCGCCTCCACGTCCCAA 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9156 CGCCATGACGTCAGTCGTCATGTGCGACTATCCCGTCCCCGCCTCCGCGCGCCTCCACGTCCCAA 9215

Qy  3241 CCATGAGCTGTGGACGTGCGTCCCCGTGATGGCCGTCGGTGCGGCGGGGGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9216 CCATGAGCTGTGGACGTGCGTCCCCGTGATGGCCGTCGGTGCGGCGGGGGG 9275

Qy  3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAGAAACCAGGAGTGCTAGAGAA 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAGAAACCAGGAGTGCTAGAGAA 9335

Qy  3361 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGAGGGCCACAGGAGCCT 3420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9336 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGAGGGCCACAGGAGCCT 9395

Qy  3421 GAACTTACGGGTTTGCCCCGGTTTGCCCCAGTCGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9396 GAACTTACGGGTTTGCCCCGGTTTGCCCCAGTCGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 9455

Qy  3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCAGGACCCTG 3540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9456 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCAGGACCCTG 9515

Qy  3541 ATGAACACCATGTGTGCAGGAAGGAGAGGGGTGAAGGCCATGGCATGGAGGCTCCTGTGGTTCGA 3600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9516 ATGAACACCATGTGTGCAGGAAGGAGAGGGGTGAAGGCCATGGCATGGAGGCTCCTGTGGTTCGA 9575
```

```
Db  6576  CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGTGCATTAAACATACCTGATTTA  6635
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   661  CATTCTTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA  720
Db  6636  CATTCTTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA  6695

Qy   721  TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGGCCAAGATCATCCTCAGT  780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6696  TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGGCCAAGATCATCCTCAGT  6755

Qy   781  TCAGTGATTGCTGCGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG  840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6756  TCAGTGATTGCTGCGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG  6815

Qy   841  TTTATTACAGCAAAAGAAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGCAAA  900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6816  TTTATTACAGCAAAAGAAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGCAAA  6875

Qy   901  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTGTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA  960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6876  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTGTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA  6935

Qy   961  GCAGTATCTTCTCCATACAAATGATGTGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC  1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6936  GCAGTATCTTCTCCATACAAATGATGTGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC  6995

Qy  1021  TCAACTGAGCCTTGATTATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACTTTCATGG  1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6996  TCAACTGAGCCTTGATTATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACTTTCATGG  7055

Qy  1081  CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCGTCTGATAGGCTGATAGGCTTG  1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7056  CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCGTCTGATAGGCTGATAGGCTTG  7115

Qy  1141  GTCACCATAAATACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAGCTCCCGTGTAAACACAG  1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7116  GTCACCATAAATACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAGCTCCCGTGTAAACACAG  7175

Qy  1201  GCACTTCTAAACAGGCAAGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTTCCCCAGGAGCTGAATGC  1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7176  GCACTTCTAAACAGGCAAGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTTCCCCAGGAGCTGAATGC  7235

Qy  1261  AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAATCCTTTACCGGCACACTCTCCTTCCTTCCTTCCTT  1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7236  AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAATCCTTTACCGGCACACTCTCCTTCCTTCCTTCCTT  7295

Qy  1321  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCACAGTGCTGGCTGTGGAGA  1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7296  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCACAGTGCTGGCTGTGGAGA  7355

Qy  1381  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG  1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7356  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG  7415

Qy  1441  CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGTGGGCACTACTAGGTCCTC  1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7416  CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGTGGGCACTACTAGGTCCTC  7475

Qy  1501  ATTTGACAGGAAAGGACTGTGTGATGAAGAGGGGTGACCAATAGGTCAGTCAGTCATTCT  1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7476  ATTTGACAGGAAAGGACTGTGTGATGAAGAGGGGTGACCAATAGGTCAGTCAGTCATTCT  7535

Qy  1561  GGATGCAAGGGGCTTCGGGCTTGGGCTTGCAGAGGGGCGCAGAGGGGGCCAAGGAGG  1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7536  GGATGCAAGGGGCTTCGGGCTTGGGCTTGCAGAGGGGCGCAGAGGGGGCCAAGGAGG  7595

Qy  1621  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT  1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7596  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT  7655

Qy  1681  TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC  1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7656  TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC  7715
```

```
Qy  1741  TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTG  1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7716  TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTG  7775

Qy  1801  TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGGAGAAAA  1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7776  TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGGAGAAAA  7835

Qy  1861  AAAAAAAGAACTCGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7836  AAAAAAAGAACTCGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  7895

Qy  1921  CCAGTTTTGTGCTGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAAGATTTTATTAC  1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7896  CCAGTTTTGTGCTGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAAGATTTTATTAC  7955

Qy  1981  CCACAGTCAAGGAGCAGCATGAACTTTGTGTTCACATTGTTCACTTGCCCCCCAATT  2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7956  CCACAGTCAAGGAGCAGCATGAACTTTGTGTTCACATTGTTCACTTGCCCCCCAATT  8015

Qy  2041  CATATGGGATGGATGATCAGAGCAGTTCAGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG  2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8016  CATATGGGATGGATGATCAGAGCAGTTCAGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG  8075

Qy  2101  CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8076  CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  8135

Qy  2161  TGTATCTGACGGAGATTATTATCTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGAGGAA  2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8136  TGTATCTGACGGAGATTATTATCTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGAGGAA  8195

Qy  2221  CATATTGTATTTATTGTCCTGACACAGTAAACAAATCTGTGTAAAATAGAGTTAACTTT  2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8196  CATATTGTATTTATTGTCCTGACACAGTAAACAAATCTGTGTAAAATAGAGTTAACTTT  8255

Qy  2281  ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACTGAGTCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT  2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8256  ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACTGAGTCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT  8315

Qy  2341  GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT  2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8316  GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT  8375

Qy  2401  CAGAAGACACACAGAGAACATAAGGAGGTGCTCAGAATTCGAGGGGACAATGGGTGG  2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8376  CAGAAGACACACAGAGAACATAAGGAGGTGCTCAGAATTCGAGGGGACAATGGGTGG  8435

Qy  2461  AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCTGCCTACACTCAGTTGTGTCTACCA  2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8436  AGAGCCTTCCACTCTTCCACTCTTGTCTGCTGCCTACACTCAGTTGTGTCTACCA  8495

Qy  2521  CATCTGGCTTCACCGTGCCTACAACATGGGCCACTACTAGCCCTGGTTCTCAGTTCCTTTGCA  2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8496  CATCTGGCTTCACCGTGCCTACAACATGGGCCACTACTAGCCCTGGTTCTCAGTTCCTTTGCA  8555

Qy  2581  GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGGACGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACAATGGGTGG  2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8556  GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGGACGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACAATGGGTGG  8615

Qy  2641  GGATCAGAACTTCTTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCGCAGAGGGGCCAAGGAGG  2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8616  GGATCAGAACTTCTTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCGCAGAGGGGCCAAGGAGG  8675

Qy  2701  AAGAGGCTGGAGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGGGAGGGGAATGTCTGAACTCTTAAATCC  2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8676  AAGAGGCTGGAGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGGGAGGGGAATGTCTGAACTCTTAAATCC  8735

Qy  2761  CCAAGGAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGGTTCCGAGGTGGGAATGGCTGAG  2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8736  CCAAGGAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGGTTCCGAGGTGGGAATGGCTGAG  8795
```

```
Qy  2821 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGAAGGAGGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8796 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGAAGGAGGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 8855

Qy  2881 AGGGGGTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8856 AGGGGGTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCGGGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 8915

Qy  2941 GGCTCCAGGGTTGGGTGTGAAGGTAATGGGATCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8916 GGCTCCAGGGTTGGGTGTGAAGGTAATGGGATCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 8975

Qy  3001 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTTCCATCTCACTTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 3060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8976 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTTCCATCTCACTCCACTTCCACTTGAGGGTAATCACC 9035

Qy  3061 TACTCTTCTAGTTGCACAAGAGTGGGCCTGGCTGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 3120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9036 TACTCTTCTAGTTGCACAAGAGTGGGCCTGGCTGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 9095

Qy  3121 CCGAGGCCTGGGGCATCATCACTCACTCATTCAGCACATCTGCGCTATGCGGGCGAGCCG 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9096 CCGAGGCCTGGGGCATCATCACTCACTCATTCAGCACATCTGCGCTATGCGGGCGAGCCG 9155

Qy  3181 CGCCATGACGTCATGTAGCTTGCGACTATCCTGCAGCGCGGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9156 CGCCATGACGTCATGTAGCTTGCGACTATCCTGCAGCGCGGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 9215

Qy  3241 CCATGGAGCTGTGGACGTGCCGTCCCGTGGATGGGCTGGCTGCGTGGTGCCAGAGGCCGGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9216 CCATGGAGCTGTGGACGTGCCGTCCCGTGGATGGGCTGGCTGCGTGGTGCCAGAGGCCGGG 9275

Qy  3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCTAGAACCACAGGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCTAGAACCACAGGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 9335

Qy  3361 TGGCCATATGTCGTCTGCCTGCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGAGGGCCACAGAGCCT 3420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9336 TGGCCATATGTCGTCTGCCTGCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGAGGGCCACAGAGCCT 9395

Qy  3421 GAACTTACGGGGTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCCAGTGAGTCTCCCCAGATACGAGGCA 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9396 GAACTTACGGGGTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCCAGTGAGTCTCCCCAGATACGAGGCA 9455

Qy  3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCCTG 3540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9456 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCCTG 9515

Qy  3541 ATGAACACCATGGTGTGTGAGGAAGGGGGTGAAGGCATGATGGGCTGTGGACTGGC 3600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9516 ATGAACACCATGGTGTGTGAGGAAGGGGGTGAAGGCATGATGGGCTGTGGACTGGC 9575

Qy  3601 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 3645
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9576 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 9620
```

```
FEATURES          Location/Qualifiers
     source        1..12047
                   /organism="synthetic construct"
                   /mol_type="unassigned DNA"
                   /db_xref="taxon:32630"
                   /note="Human glandular kallikrein-TRE sequence"

ORIGIN

Query Match        100.0%;  Score 3645;  DB 6;  Length 12047;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No.0;
Matches 3645;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy     1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAAAATGTTGAGAACTA 60
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5976 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAAAATGTTGAGAACTA 6035

Qy    61 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT 120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6036 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT 6095

Qy   121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGCTGAAGTCTGAGCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG 180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6096 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGCTGAAGTCTGAGCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG 6155

Qy   181 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACATGTTGCCGACTGTGATTTGGGGTTTGTATTTGC 240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6156 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACATGTTGCCGACTGTGATTTGGGGTTTGTATTTGC 6215

Qy   241 TCTGAATCCTAATGCTGTCCTTGGAGCATCTAGAAATCGTGTTCTCAGAAATTCT 300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6216 TCTGAATCCTAATGCTGTCCTTGGAGCATCTAGAAATCGTGTTCTCAGAAATTCT 6275

Qy   301 ATTATCTTGAGTAGGACATCCAGTCCTTCGCCTTCTAGGGCTGTGAGTCTGTAGT 360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6276 ATTATCTTGAGTAGGACATCCAGTCCTTCGCCTTCTAGGGCTGTGAGTCTGTAGT 6335

Qy   361 CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGCATCTTTTGGTCCATGTTT 420
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6336 CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGCATCTTTTGGTCCATGTTT 6395

Qy   421 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTTCCCACTTCCCACTTCCCCAGCTGCAATGTTAA 480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6396 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTTCCCACTTCCCACTTCCCCAGCTGCAATGTTAA 6455

Qy   481 ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCGTGATCCAACTTACAT 540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6456 ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCGTGATCCAACTTACAT 6515

Qy   541 TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCTAGTGCATTAAACATACCTGATTT 600
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6516 TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCTAGTGCATTAAACATACCTGATTT 6575

Qy   601 CTACCTATATATGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTTCAGTTCCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA 660
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6576 CTACCTATATATGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTTCAGTTCCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA 6635

Qy   661 CATTCTTTACTTTAAAGTGGAAATAGAATAGAGATCCCCTGCAGAGTTCAGAGTTCAGAGTTCTCAAGA 720
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6636 CATTCTTTACTTTAAAGTGGAAATAGAATAGAGATCCCCTGCAGAGTTCAGAGTTCAGAGTTCTCAAGA 6695

Qy   721 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT 780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6696 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT 6755

Qy   781 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG 840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6756 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG 6815

Qy   841 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAATGAAATCTAGCAAGGAGAGTTGCATGGGGCAA 900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6816 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAATGAGATGAAATCTAGCAAGGAGAGTTGCATGGGGCAA 6875

Qy   901 GACAAGAGGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTGTTGTTTTCTCCCAGTGTGGTGTCATGGAAA 960
```

```
RESULT 3
AX259951
LOCUS        AX259951         12047 bp    DNA     linear   PAT 26-OCT-2001
DEFINITION   Sequence 36 from Patent WO0172341.
ACCESSION    AX259951
VERSION      AX259951.1  GI:16509011
KEYWORDS     .
SOURCE       synthetic construct
  ORGANISM   synthetic construct
             artifical sequences.
REFERENCE    1
  AUTHORS    Yu,D.C., Chen,Y. and Henderson,D.R.
  TITLE      Methods of treating neoplasia with combinations of target
             cell-specific adenovirus, chemotherapy and radiation
  JOURNAL    Patent: WO 0172341-A 36 04-OCT-2001;
             Calydon, Inc. (US)
```

```
Db   6876 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCCAGAGAATTCCTGTTGTTTTCTCCCAGTGTGTCATGGGAA 6935
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   7956 CCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTGCCCCCAATT 8015

Qy    961 GCAGTATCTTCCATACAACATGATGTGTGATAATATTCAGTGTGTATTGCCAATCAGGGAAC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGCGTGGATGGACACAGAGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG 2100

Db   6936 GCAGTATCTTCCATACAACATGATGTGTGATAATATTCAGTGTGTATTGCCAATCAGGGAAC 6995
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8016 CATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGCGTGGATGGACACAGAGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG 8075

Qy   1021 TCAACTAGGCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTGACCACCTTCATGG 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 2160

Db   6996 TCAACTAGGCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTGACCACCTTCATGG 7055
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8076 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 8135

Qy   1081 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTACCCACACATT 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA 2220

Db   7056 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCCAACATT 7115
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8136 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA 8195

Qy   1141 GTCACCATAAATCACATTGTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGTCCCGTGTAAACACAG 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 CATATTGTATTTATTGTCCTGACACAGTAAACAAATCTGTGTAAAAATAGACGTTAACTTT 2280

Db   7116 GTCACCATAAATCACATTGTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGTCCCGTGTAAACACAG 7175
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8196 CATATTGTATTTATTGTCCTGACACAGTAAACAAATCTGTGTAAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy   1201 GCAGCTCTAAACAGGCAGGAATATTCAAAAGCTTAGACTGACCTCCCAGAGTGACTGAATGC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGTCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 2340

Db   7176 GCAGCTCTAAACAGGCAGGAATATTCAAAAGCTTAGACTGACCTCCCAGAGTGACTGAATGC 7235
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGTCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 8315

Qy   1261 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCTTACCGACACTCTCCTTCACAGGGGTT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 GCTGTACAAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCTTTGCT 2400

Db   7236 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCTTACCGACACTCTCCTTCACAGGGGTT 7295
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8316 GCTGTACAAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCTTTGCT 8375

Qy   1321 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACACCTGCTGGCTGTGGGAGA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACCATGGAAAAATGTCTCCCAACACTGTTCACCC 2460

Db   7296 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACACCTGCTGGCTGTGGGAGA 7355
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8376 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACCATGGAAAAATGTCTCCCAACACTGTTCACCC 8435

Qy   1381 GTGACTTCTATGTGTCTAACATTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520

Db   7356 GTGACTTCTATGTGTCTAACATTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 7415
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8436 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 8495

Qy   1441 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 CATCTGGCTTCACCGTGCTCAACCCAGAATTCTAGGTCGCTCAGAGTGCTCCACCATGTTTGCA 2580

Db   7416 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 7475
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8496 CATCTGGCTTCACCGTGCTCAACCCAGAATTCTAGGTCGCTCAGAGTGCTCCACCATGTTTGCA 8555

Qy   1501 ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGGATAAGAAGACCATGAATTGTCTGCAGAGAAATATGGCTG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAGTGCTCAGAATCCGAGGGACATGGGTGG 2640

Db   7476 ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGGATAAGAAGACCATGAATTGTCTGCAGAGAAATATGGCTG 7535
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8556 GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAGTGCTCAGAATCCGAGGGACATGGGTGG 8615

Qy   1561 GGATGCAAGGGGCTTCCAGAGACCATGAATTATGGCTGG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GGATCAGAACTTCGAGTGCTTGAGTGCAGAGAGGAGTGGCTCAGAATCCTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 2700

Db   7536 GGATGCAAGGGGCTTCCAGAGACCATGAATTATGGCTGG 7595
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8616 GGATCAGAACTTCGAGTGCTTGAGTGCAGAGAGGAGTGGCTCAGAATCCTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 8675

Qy   1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGATGCACTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 AAGAGGCTGGAGTGTCCTTGAGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 2760

Db   7596 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGATGCACTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 7655
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8676 AAGAGGCTGGAGTGTCCTTGAGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 8735

Qy   1681 TTGAGGTTATCTCAGACTTCTTCAGAATCTGATACCAGAGAGCCCATCATAATCTCTCGTGTCC 1740
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 CCAAGGAGGAGACTGTAAGGTCCGAGCTACTGGAATGGCCTGAG 2820

Db   7656 TTGAGGTTATCTCAGACTTCTTCAGAATCTGATACCAGAGAGCCCATCATAATCTCTCGTGTCC 7715
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8736 CCAAGGAGGAGACTGTAAGGTCCGAGCTACTGGAATGGCCTGAG 8795

Qy   1741 TCTCCCCTTCCTCACTCTGCCCACTCTTACTGCCCACTCTTCCAGCTGGCCAGGTG 1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 AGGGTCTAAGAATCCGTATCCCGTATCCTCCAGCTCCTGATTCTCAAAGGTGAGTTGC 2880

Db   7716 TCTCCCCTTCCTCACTCTGCCCACTCTTACTGCCCACTCTTCCAGCTGGCCAGGTG 7775
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8796 AGGGTCTAAGAATCCGTATCCCGTATCCTCCAGCTCCTGATTCTCAAAGGTGAGTTGC 8855

Qy   1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCACAGAGACTTTTACCGACTTGTATCCTACAGGGAGAAAA 1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 AGGGGTTTGTTAGCTTGAGTGTGAGAAGGCAAGGACTCCTGAATCTCAAAGGTCAGAGGACT 2940

Db   7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCACAGAGACTTTTACCGACTTGTATCCTACAGGGAGAAAA 7835
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8856 AGGGGTTTGTTAGCTTGAGTGTGAGAAGGCAAGGACTCCTGAATCTCAAAGGTCAGAGGACT 8915

Qy   1861 AAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 GGCTCACCATTTCATTCTTCCATCTTCAACAAGGGTAATCCCT 3000

Db   7836 AAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 7895
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8916 GGCTCACCATTTCATTCTTCCATCTTCAACAAGGGTAATCCCT 8975

Qy   1921 CCAGTTTGTCTGTGGTAGAGTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGGCAAAGATTTTATTAC 1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GAGAGTTGCCCATGCCTTTGATCTTCATCTTCCACTCTCACTCTCGAGGGTAATCACC 3060

Db   7896 CCAGTTTGTCTGTGGTAGAGTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGGCAAAGATTTTATTAC 7955
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   8976 GAGAGTTGCCCATGCCTTTGATCTTCATCTTCCACTCTCACTCTCGAGGGTAATCACC 9035

Qy   1981 CCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTGCCCCCCAATT 2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 TACTCTTCCTCTAGTTCCACAAGAGTCGCGCCTGCCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 3120
```

```
Qy  3121  CCGAGGCCTGGGGCATCATCACTCATCATTCAGCATCTGCGCTATGCGGGCGAGGCCCG  3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9096  CCGAGGCCTGGGGCATCATCACTCATCATTCAGCATCTGCGCTATGCGGGCGAGGCCCG  9155

Qy  3181  CGCCATGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCTGCGACTATCCTGCGACTGTGATTTGGGG  3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9156  CGCCATGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCTGCGACTATCCTGCGACTGTGATTTGGGG  9215

Qy  3241  CCATGGAGCTGTGGACGTGGCGTCCCGTGGTCGGTGATGGTGGCCTGCGTGGTGGCCAGGCCGGGG  3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9216  CCATGGAGCTGTGGACGTGGCGTCCCGTGGTCGGTGATGGTGGCCTGCGTGGTGGCCAGGCCGGGG  9275

Qy  3301  CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA  3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9276  CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA  9335

Qy  3361  TGGCCATATGTCGCTGTGACTTCAAGAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGGCACAGAGGCCT  3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9336  TGGCCATATGTCGCTGTGACTTCAAGAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGGCACAGAGGCCT  9395

Qy  3421  GAACTTACGGGTTTGCCCAGTCCTCCCAGTGAGTGCTCCCAGATACGAGGCA  3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9396  GAACTTACGGGTTTGCCCAGTCCTCCCAGTGAGTGCTCCCAGATACGAGGCA  9455

Qy  3481  CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTGTAACAGGGACTACCCGGAGGACCCTG  3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9456  CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTGTAACAGGGACTACCCGGAGGACCCTG  9515

Qy  3541  ATGAACACCATGGTGTGCAGGAGAGAGGGGTGAAGGCATGGGGCATGGAGCTCCTGTGTGGTCAGA  3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9516  ATGAACACCATGGTGTGCAGGAGAGAGGGGTGAAGGCATGGGGCATGGAGCTCCTGTGTGGTCAGA  9575

Qy  3601  GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  3645
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9576  GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  9620
```

```
RESULT 4
AX262356
LOCUS        AX262356              12047 bp    DNA     linear   PAT 26-OCT-2001
DEFINITION   Sequence 11 from Patent WO0173093.
ACCESSION    AX262356
VERSION      AX262356.1  GI:16511284
KEYWORDS     .
SOURCE       synthetic construct
  ORGANISM   synthetic construct
             artificial sequences.
REFERENCE    1
  AUTHORS    Yu,D.C., Li,Y. and Henderson,D.R.
  TITLE      Cell-specific adenovirus vectors comprising an internal ribosome
             entry site
  JOURNAL    Patent: WO 0173093-A 11 04-OCT-2001;
             Calydon, Inc. (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..12047
                     /organism="synthetic construct"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:32630"
                     /note="Human glandular kallikrein-TRE sequence"
ORIGIN

Query Match        100.0%;   Score 3645;   DB 6;   Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%;   Pred. No. 0;
Matches 3645;   Conservative   0;   Mismatches   0;   Indels   0;   Gaps   0;
```

```
Qy     1  GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAATGTTTGAGGACTA  60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5976  GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGGAAATGTTTGAGGACTA  6035

Qy    61  CTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTTCGTAGAGTTCTAGAGTTGTGGGAATATAGAACCTTGGCTT  120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6036  CTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTTCGTAGAGTTCTAGAGTTGTGGGAATATAGAACCTTGGCTT  6095
```

```
Qy   121  CTTCAGCCTAGAATCAGAGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGTGGCTTGAAGCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG  180
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6096  CTTCAGCCTAGAATCAGAGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGTGGCTTGAAGCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG  6155

Qy   181  GTTGGCTTCCGGAGCACACATATTGACATGTGCCGACTGTGATTTGGGGTTTGGTATTTGC  240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6156  GTTGGCTTCCGGAGCACACATATTGACATGTGCCGACTGTGATTTGGGGTTTGGTATTTGC  6215

Qy   241  TCTGAATCCTAATGCTCTGTCCTGAGGCATCTAGAAATCTGAAATCTGAAATCTGAAATTCT  300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6216  TCTGAATCCTAATGCTCTGTCCTGAGGCATCTAGAAATCTGAAATCTGAAATCTGAAATTCT  6275

Qy   301  ATTATCTTGAGTAGGACATCCCAGTCCTGGTTCTCCTGGTTCTGCCTTCTCAGGGCTTCAGGGCTGTGAGT  360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6276  ATTATCTTGAGTAGGACATCCCAGTCCTGGTTCTCCTGGTTCTGCCTTCTCAGGGCTTCAGGGCTGTGAGT  6335

Qy   361  CAGTGACCCGGTCTGCCATTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT  420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6336  CAGTGACCCGGTCTGCCATTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT  6395

Qy   421  CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCATTAGAACCTTTCCCACTTCCCACTTCCCACTTCCCAGTGCAATGTTAA  480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6396  CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCATTAGAACCTTTCCCACTTCCCACTTCCCACTTCCCAGTGCAATGTTAA  6455

Qy   481  ACCTAGGATTTCTGTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCAAACTTACAT  540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6456  ACCTAGGATTTCTGTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCAAACTTACAT  6515

Qy   541  TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCAATATATTCCCTGGATT  600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6516  TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCAATATATTCCCTGGATT  6575

Qy   601  CTACCTATATATGTGAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTACAATACCTGATTTA  660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6576  CTACCTATATATGTGAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTACAATACCTGATTTA  6635

Qy   661  CATTCTTTTACTTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA  720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6636  CATTCTTTTACTTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA  6695

Qy   721  TGGCCCTTACTTCTGCACATCAATTGACATTGAGATTTCAAGGGAGTTCGGCCAAGATCATCCTCCAGT  780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6696  TGGCCCTTACTTCTGCACATCAATTGACATTGAGATTTCAAGGGAGTTCGGCCAAGATCATCCTCCAGT  6755

Qy   781  TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATAAAGCTGTTATGCTGTCATGGGTATGCGTCATGGGAA  840
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6756  TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATAAAGCTGTTATGCTGTCATGGGTATGCGTCATGGG  6815

Qy   841  TTTATTACAGCAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAGGGAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA  900
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6816  TTTATTACAGCAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAGGGAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA  6875

Qy   901  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGGAAA  960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6876  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGGAAA  6935

Qy   961  GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTAATAATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGGAAC  1020
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6936  GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTAATAATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGGAAC  6995

Qy  1021  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTCGTTGGAGCTTCGTTGGACCACCTTCATGG  1080
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6996  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTCGTTGGAGCTTCGTTGGACCACCTTCATGG  7055

Qy  1081  CTGAACTTTAGTACTTAGTACTTAGCCCTCTACGACGTCTACAGCGTGATAGCTGTAACCCAACATT  1140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7056  CTGAACTTTAGTACTTAGTACTTAGCCCTCTACGACGTCTACAGCGTGATAGCTGTAACCCAACATT  7115

Qy  1141  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTACAACCTGGCGTGGGCCCAAGCTCCGTGTAAACACAG  1200
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7116  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTACAACCTGGCGTGGGCCCAAGCTCCGTGTAAACACAG  7175
```

```
Qy  1201 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC 1260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7176 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC 7235

Qy  1261 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTACGGCACACTCCTTCCTTCACAGGGTT 1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7236 AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTACGGCACACTCCTTCCTTCACAGGGTT 7295

Qy  1321 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGTGGAGA 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7296 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGTGGAGA 7355

Qy  1381 GTGACTTCTCATGTGTGCTAACATTGCTGGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 1440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7356 GTGACTTCTCATGTGTGCTAACATTGCTGGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 7415

Qy  1441 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACAGTGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 1500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7416 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACAGTGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 7475

Qy  1501 ATTTGACAGAGGAAAGACTGTGGATAAGAAGGACTGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT 1560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7476 ATTTGACAGAGGAAAGACTGTGGATAAGAAGGACTGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT 7535

Qy  1561 GGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 1620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7536 GGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 7595

Qy  1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCCTCAGATCTTGACT 1680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7596 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCCTCAGATCTTGACT 7655

Qy  1681 TTGAGGTTATCTCAGACTCTTACTGCAGAGAACTAACTCTTGTATCCTCTCTGTGTCC 1740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7656 TTGAGGTTATCTCAGACTCTTACTGCAGAGAACTAACTCTTGTATCCTCTCTGTGTCC 7715

Qy  1741 TCTCCCCTTCCACTCTTCCTCTACTGCCCACTCTTCCCAGCTGGCCAGGTG 1800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7716 TCTCCCCTTCCACTCTTCCTCTACTGCCCACTCTTCCCAGCTGGCCAGGTG 7775

Qy  1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAA 1860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAA 7835

Qy  1861 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7836 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 7895

Qy  1921 CCAGTTTGTGCTGGTAGGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7896 CCAGTTTGTGCTGGTAGGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 7955

Qy  1981 CCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGCCCCCCAATT 2040
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7956 CCACAGCTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGCCCCCCAATT 8015

Qy  2041 CATATATGGGATGATGACAGCAGTCAGGTGGACTGGACAAGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG 2100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8016 CATATATGGGATGATGACAGCAGTCAGGTGGACTGGACAAGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG 8075

Qy  2101 CAACCTAGGCTTAGAGAATCTCAATCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8076 CAACCTAGGCTTAGAGAATCTCAATCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 8135

Qy  2161 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGAGACCTACTCTGGAGAA 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8136 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGAGACCTACTCTGGAGAA 8195

Qy  2221 CATATTGTATTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8196 CATATTGTATTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy  2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCCATCTTGCAAGGCTATCT 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCCATCTTGCAAGGCTATCT 8315

Qy  2341 GCTGTACAAATATGTTGAAAGATGGTCCAGAAAGAAAACGTATTATTGCCTTTGCT 2400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8316 GCTGTACAAATATGTTGAAAGATGGTCCAGAAAGAAAACGTATTATTGCCTTTGCT 8375

Qy  2401 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACATAAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8376 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACATAAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 8435

Qy  2461 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8436 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 8495

Qy  2521 CATCTGGCTTCACCGTGCTAACCAAGATTTCTAGGTCCCAGTTCCCACCATGTTTGGCA 2580
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8496 CATCTGGCTTCACCGTGCTAACCAAGATTTCTAGGTCCCAGTTCCCACCATGTTTGGCA 8555

Qy  2581 GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAAGTGCTCAGAATTCCGAGGGACATGGGTGG 2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8556 GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAAGTGCTCAGAATTCCGAGGGACATGGGTGG 8615

Qy  2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATAGTGTTCCGAAGGAGG 2700
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8616 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATAGTGTTCCGAAGGAGG 8675

Qy  2701 AAGAGGCTGGAGGTGAATGTCCTTGGAGGTGAATGTGGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8676 AAGAGGCTGGAGGTGAATGTCCTTGGAGGTGAATGTGGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 8735

Qy  2761 CCAAGGAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCGAGTGCTGACGTGGGAATGGCTTGAGTTGC 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8736 CCAAGGAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCGAGTGCTGACGTGGGAATGGCTTGAGTTGC 8795

Qy  2821 AGTGTTAGGAATCCGTATCCTCGGGAAGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8796 AGTGTTAGGAATCCGTATCCTCGGGAAGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 8855

Qy  2881 AGGGGTTTGTTAGCTTGGTGTGAAGTAATGGATCTTCATCTACTACTCCTTACTCACC 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8856 AGGGGTTTGTTAGCTTGGTGTGAAGTAATGGATCTTCATCTACTACTCCTTACTCACC 8915

Qy  2941 GGCTCCAGGTTTCCACAAGAGTCTGACGTAATCTCAAAGGGTCAGAGGACT 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8916 GGCTCCAGGTTTCCACAAGAGTCTGACGTAATCTCAAAGGGTCAGAGGACT 8975

Qy  3001 GAGAGTTGCCCATGCTTCCATCTTCATCACTCCTTACTCACTCCTTACTCACC 3060
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8976 GAGAGTTGCCCATGCTTCCATCTTCATCACTCCTTACTCACTCCTTACTCACC 9035

Qy  3061 TACTCTCTCTAGTTCCACAAGAGTCCAAGAGTCGCCGCCTGCGCGGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 3120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9036 TACTCTCTCTAGTTCCACAAGAGTCCAAGAGTCGCCGCCTGCGCGGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 9095

Qy  3121 CCGAGGGCTGGGGCATCATCATCACTCAGCGCGCCTCCCAGCGCCTGCGGTATCGCGGGCGAGGCCGG 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9096 CCGAGGGCTGGGGCATCATCATCACTCAGCGCGCCTCCCAGCGCCTGCGGTATCGCGGGCGAGGCCGG 9155

Qy  3181 CGCACTGACGTCATGAGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGGCGCCTCCGTCACGTCCCAA 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9156 CGCACTGACGTCATGAGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGGCGCCTCCGTCACGTCCCAA 9215

Qy  3241 CCATGGAGCTGTGACGTGCGCGTCGTCCCGGTGATGTGGCCTGCGTGTGCAGGCCGGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9216 CCATGGAGCTGTGACGTGCGCGTCGTCCCGGTGATGTGGCCTGCGTGTGCAGGCCGGG 9275

Qy  3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGACACCAGGAGACTCAGGAGACTAGAGAAGTGCTAGAGAA 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGACACCAGGAGACTCAGGAGACTAGAGAAGTGCTAGAGAA 9335

Qy  3361 TGGCCATATGTGCTGTCCATGAAATCTGAAGGCGGATACCCATCTTCGGAAGGCTAGTCT 3420
```

```
Db   9336  TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAGGAGTATGGGGCTGAGAGTCTCGGCTTCTCGGGTGGAGGGCACAGGAGCCT  9395

Qy   3421  GAACTTACGGTTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA  3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9396  GAACTTACGGTTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA  9455

Qy   3481  CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG  3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9456  CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG  9515

Qy   3541  ATGAACACCATGTGTGTGCAGGAAGAGAGGGGTGAAGGCATGAGGACTCCGTGTGGTCAGA  3600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9516  ATGAACACCATGTGTGTGCAGGAAGAGAGGGGGTGAAGGCATGAGGACTCCGTGTGGTCAGA  9575

Qy   3601  GCCCAGGAGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  3645
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9576  GCCCAGGAGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  9620
```

```
RESULT 5
BD195482

LOCUS       BD195482               12047 bp    DNA     linear   PAT 17-JUL-2003
DEFINITION  Adenovirus vectors containing heterologous transcription regulatory
            elements and methods of using same.
ACCESSION   BD195482
VERSION     BD195482.1  GI:33005252
KEYWORDS    JP 2002514074-A/3.
SOURCE      unidentified
  ORGANISM  unidentified
            unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 12047)
  AUTHORS   Henderson,D.R., Yu,D.C. and Lamparski.H.G.
  TITLE     Adenovirus vectors containing heterologous transcription regulatory
            elements and methods of using same
  JOURNAL   Patent: JP 2002514074-A 3 14-MAY-2002;
            CALYDON INC
COMMENT     OS   Unidentified
            PN   JP 2002514074-A/3
            PD   14-MAY-2002
            PF   03-MAR-1998  JP 1998538674
            PR   03-MAR-1997 US   60/039762,03-MAR-1997 US   60/039763 PR
            04-AUG-1997 US   60/054523, 02-MAR-1998 US   09/033556 PI   DANIEL
            R HENDERSON,DE CHAO YU;HENRY G LAMPARSKI PC
            C12N15/86,C12N5/10,A61K48/00,A61K47/48,C12N11/08 CC   Strandedness:
            Single;
            CC   Topology: Linear;
            CC   Adenovirus vectors containing heterologous transcription  CC
                 regulatory
            CC   elements and methods of using same
            FH   Key           Location/Qualifiers
            FT   source        1..12047
            FT                 /organism='Unidentified'.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..12047
                     /organism="unidentified"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:32644"
ORIGIN

Query Match            100.0%;  Score 3645;  DB 6;  Length 12047;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;  Indels   0;  Gaps    0;
Matches 3645;  Conservative   0;  Mismatches   0;
```

```
Db   6096  CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAGAGTCTCGGCTTCTCGAGTCTGGCTTCTCGAGTCTGGCTTCTCAGCAGTTGGG  6155

Qy   181   GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACACATGTTGGCACTGTGATTTGGGGTTTGGTTTGGTATTTGC  240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6156  GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACACATGTTGGCACTGTGATTTGGGGTTTGGTTTGGTATTTGC  6215

Qy   241   TCTGAATCCTAATGTCGTCCTTGAGGCATCTAGAAATCTGGTGTCAGAATTCT  300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6216  TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAAATCTGGTGTCAGAATTCT  6275

Qy   301   ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCGTTCTCGCCTTCTAGGGCTGTGTGTCAGT  360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6276  ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCGTTCTCGCCTTCTAGGGCTGTGTGTCAGT  6335

Qy   361   CAGTGACCCGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT  420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6336  CAGTGACCCGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTTGGTCCATGTTT  6395

Qy   421   CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA  480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6396  CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA  6455

Qy   481   ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAAACTTACAT  540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6456  ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAAACTTACAT  6515

Qy   541   TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT  600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6516  TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT  6575

Qy   601   CTACCTATATATGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA  660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6576  CTACCTATATATGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA  6635

Qy   661   CATTCTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCGCAGAGTTCAGGAGTTCTTCAAGA  720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6636  CATTCTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCGCAGAGTTCAGGAGTTCTTCAAGA  6695

Qy   721   TGGCCCTTACTTCTGCACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT  780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6696  TGGGCCCTTACTTCTGCACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT  6755

Qy   781   TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG  840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6756  TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG  6815

Qy   841   TTTATTACAGCAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA  900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6816  TTTATTACAGCAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA  6875

Qy   901   GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCTCCCAGTGCGTGTTCATGGAAA  960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6876  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCTCCCAGTGCGTGTTCATGGAAA  6935

Qy   961   GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC  1020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6936  GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC  6995

Qy   1021  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCGACAGACATGTCGACCACCTTCATGG  1080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6996  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG  7055

Qy   1081  CTGAACTTAGTACTTAGCCCTCCAGACGTGCTACAGCGTGATAGGCTGTAACCAACATT  1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7056  CTGAACTTAGTACTTAGCCCTCCAGACGTGCTACAGCGTGATAGGCTGTAACCAACATT  7115

Qy   1141  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTACATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG  1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7116  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTACATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG  7175

Qy   1201  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTGAAGATGAATGCTAGAAGCTTAGAAGTGC  1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7176  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTGAAGATGAATGCTAGAAGCTTAGAAGTGC  7235
```

```
Qy   1     GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAAAATGTTTGAGAACTA  60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5976  GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAAAATGTTTGAGAACTA  6035

Qy   61    CTTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT  120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6036  CTTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT  6095

Qy   121   CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAGAGTCTCGAAGCTTGGCTTCAGCAGTTTGGG  180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7176  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTGAAGATGAATGCTAGAAGCTTAGAAGTGC  7235
```

```
Qy   1261 AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAGAATCCTTACCGCACACTCCTTCACAGGGGT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7236 AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAGAATCCTTACCGCACACTCCTTCACAGGGGA 7295

Qy   1321 ATTGTGAGGATCAAATGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7296 ATTGTGAGGATCAAATGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGA 7355

Qy   1381 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7356 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 7415

Qy   1441 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGCACTACTAGCCTC 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7416 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGCACTACTAGCCTC 7475

Qy   1501 ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGGAGGGGGTGACCAATAGTGCTCAGAGTCATTCT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7476 ATTTGACAGAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGGAGGGGGTGACCAATAGTGCTCAGAGTCATTCT 7535

Qy   1561 GGATGCAAGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7536 GGATGCAAGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 7595

Qy   1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGGCGATCGCACTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7596 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGGCGATCGCACTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT 7655

Qy   1681 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTTCTCTGTGTCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7656 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTTCTCTGTGTCC 7715

Qy   1741 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCACTCTTCCCAGCTGGCCAGGTG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7716 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCACTCTTCCCAGCTGGCCAGGTG 7775

Qy   1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAA 7835

Qy   1861 AAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGTAACCTG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7836 AAAAAAAGAACCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGTAACCTG 7895

Qy   1921 CCAGTTTGTGTCGTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7896 CCAGTTTGTGTCGTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 7955

Qy   1981 CCACAGTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTCACTTTGCCCCCAATT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7956 CCACAGTAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTCACTTTGCCCCCAATT 8015

Qy   2041 CATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGATGGACACAGGGGTTTGTTGTGGCAAAGGTGAG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8016 CATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGATGGACACAGGGGTTTGTTGTGGCAAAGGTGAG 8075

Qy   2101 CAACCTAGGGTAGAAATCTCAATCTTATAAGAAGCAGACCTACTCTGGAGAA 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8076 CAACCTAGGGTAGAAATCTCAATCTTATAAGAAGCAGACCTACTCTGGAGAA 8135

Qy   2161 TGTATCTGACCGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGCAAAGATTTGAACTTT 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8136 TGTATCTGACCGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGCAAAGATTTGAACTTT 8195

Qy   2221 CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8196 CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy   2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 8315
```

```
Qy   2341 GCTGTACAAATATGCTTGAAAGATGGTCAGAAAGAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8316 GCTGTACAAATATGCTTGAAAGATGGTCAGAAAGAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 8375

Qy   2401 CAGAAGACACCACAGAAACATAAGAGAACCATGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8376 CAGAAGACACCACAGAAACATAAGAGAACCATGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 8435

Qy   2461 AGAGCCTTCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8436 AGAGCCTTCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCATCATTAGTGTGTCTACCA 8495

Qy   2521 CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAATTCTCCACCATGTTGGCA 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8496 CATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAATTCTCCACCATGTTGGCA 8555

Qy   2581 GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8556 GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG 8615

Qy   2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8616 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 8675

Qy   2701 AAGAGGCTGGAGTGAAATGTCCTTGGAGGGGGAGGAATGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8676 AAGAGGCTGGAGTGAAATGTCCTTGGAGGGGGAGGAATGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 8735

Qy   2761 CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGGAATGGCCTGAG 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8736 CCAAGGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGGAATGGCCTGAG 8795

Qy   2821 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTGC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8796 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTGC 8855

Qy   2881 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTCTTGAGTGGTGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8856 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTCTTGAGTGGTGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 8915

Qy   2941 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGATCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8916 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGATCTCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 8975

Qy   3001 GAGAGTTGCCATGCTTTGATCTTCCATCTCTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8976 GAGAGTTGCCATGCTTTGATCTTCCATCTCTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 9035

Qy   3061 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCCTGCGCGGAGTATAATCTGCACATGTCCCATGTC 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9036 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCCTGCGCGGAGTATAATCTGCACATGTCCCATGTC 9095

Qy   3121 CCGAGGCCTGGGGCATCATCACCACTCATTCAGCACTGCGGTCATGCGGGCGAGGCCGG 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9096 CCGAGGCCTGGGGCATCATCACCACTCATTCAGCACTGCGGTCATGCGGGCGAGGCCGG 9155

Qy   3181 CGCCATGACGTCATGTGAGCTGTGTGGAGCGTCCCTGGACTATCCCGTGGTGCCTGCGCAGGCCCAA 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9156 CGCCATGACGTCATGTGAGCTGCGCATGTGAGCTGTGTGGTGCTGGTGCCTGCGCAGGCCCAA 9215

Qy   3241 CCATGGAGCTGTGTGGAGCTGTGTGTGGTGACTTCTCGGGTGGACCAGGAGGGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9216 CCATGGAGCTGTGTGGAGCTGTGTGTGGTGACTTCTCGGGTGGACCAGGAGGGG 9275

Qy   3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCTAGAACCACAGGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCTAGAACCACAGGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 9335

Qy   3361 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTCAAGGCTCTCAAGGCCT 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9336 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTCAAGGCTCTCAAGGCCT 9395

Qy   3421 GAACTTACGGGTTGCCCGAGCTCCCAGTCCACTGTCTCCCAAGTGAGTCTTCCCAGATACAGAGGCA 3480
```

```
           181 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACACATGTGGCGACTGTGATTGGGGTTTGTATTTGC  240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6156 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACACATGTGGCGACTGTGATTGGGGTTTGTATTTGC  6215

           241 TCTGAATCCTAAATGTCTGTCTCCTTGAGGCATCTAGAAATCTGTGGTCAGAATTCT     300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6216 TCTGAATCCTAAATGTCTGTCTCCTTGAGGCATCTAGAAATCTGTGGTCAGAATTCT    6275

           301 ATTATCTTGAGTAGGACACATCTCCGGTTCTGCCTTCAGGGGTCTCAGGGGTGGAGTCTGTAGT  360
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6276 ATTATCTTGAGTAGGACACATCTCCGGTTCTGCCTTCAGGGGTCTCAGGGGTGGAGTCTGTAGT  6335

           361 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTGGTCCATGTT    420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6336 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTGGTCCATGTT    6395

           421 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCCAGCTGCAATGTTAA  480
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6396 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCCAGCTGCAATGTTAA  6455

           481 ACCTAGGATTTCTGTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAACTTTACAT   540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6456 ACCTAGGATTTCTGTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAACTTTACAT   6515

           541 TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT  600
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6516 TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT  6575

           601 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTGCCAGTTCTCAGTGCATTAACATACCTGATTA   660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6576 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTGCCAGTTCTCAGTGCATTAACATACCTGATTA   6635

           661 CATTCTTTACTTTAAAGTGGAATAAGAGTCCCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA   720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6636 CATTCTTTACTTTAAAGTGGAATAAGAGTCCCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA   6695

           721 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT  780
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6696 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT  6755

           781 TCAGTGATTGCTGGTGAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTATGCTCATGGCTATGG  840
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6756 TCAGTGATTGCTGGTGAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTATGCTCATGGCTATGG  6815

           841 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA   900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6816 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGAAGAGTTGCATGGGGCAAA   6875

           901 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTTCTCCCAGTGTGTGTCATGGAAA  960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6876 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTTCTCCCAGTGTGTGTCATGGAAA  6935

           961 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC  1020
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6936 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC  6995

          1021 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG  1080
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  6996 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACCACCTTCATGG  7055

          1081 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCCACATT  1140
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  7056 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCCACATT  7115

          1141 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCAAGCTGTCCCGTGTAAAACACAG  1200
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  7116 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCAAGCTGTCCCGTGTAAAACACAG  7175

          1201 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC  1260
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    Db  7176 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC  7235

          1261 AAAGACCTGCCCTTTGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCACACTCCTTCCTCACAGGGTT  1320
Qy    
```

```
Db    9396 GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCCACTGTACCACAATCTGTACCAGGACTACCCAGGAGGCA  9455
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy    3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCATGTACCAGGACTACCCAGGACCCTG  3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9456 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCATGTACCAGGACTACCCAGGACCCTG  9515

Qy    3541 ATGAACACCATGGTGTGTCAGGAAGAGAGGGGGTGAAGGCATGGACTCCTGTGTGGTCAGA  3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9516 ATGAACACCATGGTGTGTCAGGAAGAGAGGGGGTGAAGGCATGGACTCCTGTGTGGTCAGA  9575

Qy    3601 GCCCAGAGGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  3645
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9576 GCCCAGAGGGGGGCCATGACGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC  9620
```

RESULT 6
BD224259

```
LOCUS       BD224259               12047 bp    DNA     linear   PAT 17-JUL-2003
DEFINITION  Adenovirus vectors containing cell status-specific response
            elements and methods of use thereof.
ACCESSION   BD224259
VERSION     BD224259.1  GI:33034029
KEYWORDS    JP 2002525063-A/5.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 12047)
  AUTHORS   Yu,D.C. and Henderson,D.R.
  TITLE     Adenovirus vectors containing cell status-specific response
            elements and methods of use thereof
  JOURNAL   Patent: JP 2002525063-A 5 13-AUG-2002;
            CALYDON INC
COMMENT     OS   Homo sapiens (human)
            PN   JP 2002525063-A/5
            PD   13-AUG-2002
            PF   10-SEP-1999 JP 2000570347
            PF   10-SEP-1998 US  60/099791,09-SEP-1999 US      09/392822 PI
            DE   CHAO YU,DANIEL R HENDERSON
            PC
            C12N15/09,A61K48/00,A61K35/76,C12N1/15,C12N1/19,C12N1/21,C12N5/ PC
            10,
            PC   C12N7/02//A61K35/00,C12N15/00,C12N5/00
            CC   Adenovirus vectors containing cell status-specific response
            CC   elements and
            CC   methods of use thereof
            FH   Key             Location/Qualifiers
            FT   source          1..12047
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..12047
                     /organism='Homo sapiens (human)'.
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

Query Match             100.0%;  Score 3645;  DB 6;  Length 12047;
Best Local Similarity   100.0%;
Matches 3645;  Conservative 0;  Mismatches 0;  Indels 0;  Gaps 0;

Qy       1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAGAAAATGTTTGAGAACTA  60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5976 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGAGAAAATGTTTGAGAACTA  6035

Qy      61 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGAGACTTGGCTT  120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6036 CTGTCCCAGAGATTTCCTGAGTTCTAGAGTGTGGGAATATAGAACCTGAGACTTGGCTT  6095

Qy     121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGTCTCGAAGCTTGGCTTGGGG  180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     180

Qy     181 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGTCTCTGAAGCTTCTCACAGGGTT  1320
```

Db 7236 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     AAAGACCTGGCCTCTTGGCAAGGAGAATCCTTACCGCCACTCTCCTTCACAGGGTT 7295
Qy 1321 ATTGTGAGGATCAAATGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCGGCTGTGTGAGA 1380
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7296 ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACCAGGCTGTGTGAGA 7355

Qy 1381 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 1440
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7356 GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG 7415

Qy 1441 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 1500
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7416 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC 7475

Qy 1501 ATTTGACAGAGAAAGGAACTGTGGATAAGACAGAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT 1560
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7476 ATTTGACAGAGAAAGGAACTGTGGATAAGACAGAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT 7535

Qy 1561 GGATGCAAGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGCATTGTCTGCAGAGAAATTATGCTGG 1620
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7536 GGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGCATTGTCTGCAGAGAAATTATGCTGG 7595

Qy 1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT 1680
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7596 ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT 7655

Qy 1681 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC 1740
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7656 TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTCTGTGTCC 7715

Qy 1741 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCAGCTCCAGCTGGCCAGGTG 1800
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7716 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCAGCTCCAGCTGGCCAGGTG 7775

Qy 1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAA 1860
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7776 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAA 7835

Qy 1861 AAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 1920
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7836 AAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 7895

Qy 1921 CCAGTTTGTGTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7896 CCAGTTTGTGTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 7955

Qy 1981 CCACAGCTAAGGAGGGATGATGAGCAGCAGTTCAGGTGGATGGATGAAAGGTTGAG 2040
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 7956 CCACAGCTAAGGAGGGATGATGAGCAGCAGTTCAGGTGGATGGATGAAAGGTTGAG 8015

Qy 2041 CATATGGATGATATTATTCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA 2100
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8016 CATATGGATGATATTATTCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA 8075

Qy 2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCTGCTGTAAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2160
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8076 CAACCTAGGCTTAGAAATCTGCTGTAAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8135

Qy 2161 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA 2220
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8136 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA 8195

Qy 2221 CATATTGTATTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8196 CATATTGTATTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT 8255

Qy 2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACTAGATCTGAAGGCCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 2340
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8256 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACTAGATCTGAAGGCCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT 8315

Qy 2341 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 2400
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db 8316 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 8375
Qy 2401 CAGAGACACACAGAAACATAAGAGAACCATGAGAAAATTGTCTCCCAAACACTGTTCACCC 2460
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8376 CAGAGACACACAGAAACATAAGAGAACCATGAGAAAATTGTCTCCCAAACACTGTTCACCC 8435

Qy 2461 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8436 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 8495

Qy 2521 CATCTGGCTTCACCTGCCTAACCAAGATTCTAGGTCAGTTCCCACCATGTTGGCA 2580
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8496 CATCTGGCTTCACCTGCCTAACCAAGATTCTAGGTCAGTTCCCACCATGTTGGCA 8555

Qy 2581 GTGCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG 2640
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8556 GTGCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG 8615

Qy 2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGAGAGG 2700
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8616 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGAGAGG 8675

Qy 2701 AAGGAGGCTGGAGTGAAATGCTCCTTGGAGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 2760
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8676 AAGGAGGCTGGAGTGAAATGCTCCTTGGAGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 8735

Qy 2761 CCAAGGAGGAGGAGACTGGTAAGGTTCCCAGCTTCCGAGGTACTACGACGTGGGAATGGCTGAG 2820
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8736 CCAAGGAGGAGGAGACTGGTAAGGTTCCCAGCTTCCGAGGTACTACGACGTGGGAATGGCTGAG 8795

Qy 2821 AGTTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 2880
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8796 AGTTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 8855

Qy 2881 AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTTCCTTGTGTGGGTCCCTGGGGTCCCTGGGGTCAAGGACTGAACCATT 2940
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8856 AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTTCCTTGTGTGGGTCCCTGGGGAAGCAAGGACTGAACCATT 8915

Qy 2941 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCTCAAAGGGTCAAAGGGTCAGAGGACT 3000
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8916 GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCTCCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 8975

Qy 3001 GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCATCTCACTCCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 3060
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 8976 GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCATCTCACTCCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC 9035

Qy 3061 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCCTGCGCGGAGTATAATCTGCGCTATGCGCACATGTCC 3120
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9036 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCCTGCGCGGAGTATAATCTGCGCTATGCGCACATGTCC 9095

Qy 3121 CCGAGGCCTGGGGCATCATCATCTCATCATCAGGGATGTGGGCGGAGGCGGG 3180
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9096 CCGAGGCCTGGGGCATCATCATCTCATCATCAGGGATGTGGGCGGAGGCGGG 9155

Qy 3181 CGCCATGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGCGCTCTCCCGTCACGTCCCAA 3240
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9156 CGCCATGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGCGCTCTCCCGTCACGTCCCAA 9215

Qy 3241 CCATGGAGCTGTGGGACGCTGCGCCCCTGGGATGTGGCCGGCTGCGGGGGTGGTGCCGGAGGCGG 3300
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9216 CCATGGAGCTGTGGGACGCTGCGCCCCTGGGATGTGGCCGGCTGCGGGGGTGGTGCCGGAGGCGGG 9275

Qy 3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCAGTCACTGTCCTCCCAGTGACTTGCCCAGTGAGTCTCCCAGATACAGAGCA 3360
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9276 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCAGTCACTGTCCTCCCAGTGACTTGCCCAGTGAGTCTCCCAGATACAGAGAA 9335

Qy 3361 TGGCCATATGTCGCTGTGTCCATGAAATCTCATGAAGGACTTCTCGGTGGCACAGGAGCCT 3420
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9336 TGGCCATATGTCGCTGTGTCCATGAAATCTCATGAAGGACTTCTCGGTGGCACAGGAGCCT 9395

Qy 3421 GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCAACTGTCCTCCCCAGTGAGTCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 3480
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 9396 GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCAACTGTCCTCCCCAGTGAGTCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 9455

```
RESULT 7
AF113169
LOCUS       AF113169              12282 bp    DNA     linear   PRI 05-MAY-1999
DEFINITION  Homo sapiens glandular kallikrein enhancer region, complete
            sequence.
ACCESSION   AF113169
VERSION     AF113169.1  GI:4164598
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 12282)
  AUTHORS   Yu,D.C., Sakamoto,G.T. and Henderson,D.R.
  TITLE     Identification of the transcriptional regulatory sequences of human
            kallikrein 2 and their use in the construction of calydon virus
            764, an attenuated replication competent adenovirus for prostate
            cancer therapy
  JOURNAL   Cancer Res. 59 (7), 1498-1504 (1999)
  MEDLINE   99211477
  PUBMED    10197620
REFERENCE   2  (bases 1 to 12282)
  AUTHORS   Yu,D.C., Sakamoto,G.T. and Henderson,D.R.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (14-DEC-1998) Research, Calydon Inc., 1324 Chesapeake
            Terrace, Sunnyvale, CA 94089, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..12282
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /strain="human"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="19"
                     /map="19q13.2-q13.4"
                     /tissue_type="prostate"
     misc_feature    1..12282
                     /note="glandular kallikrein enhancer region;
                     andogen-responsive"
ORIGIN

Query Match        100.0%;  Score 3645;  DB 9;  Length 12282;
Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 3645;  Conservative 0;  Mismatches 0;  Indels 0;  Gaps 0;
```

```
Qy     1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGTGGAAATGTTTGAGAACTA    60
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6211 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCCAAAGATGTGGAAATGTTTGAGAACTA  6270

Qy    61 CTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTTCTAGAGTGGGCTGAAGTCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTT   120
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6271 CTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTTCTAGAGTGGGCTGAAGTCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTT  6330

Qy   121 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGTCTGCAGCAGTTTGGG   180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6331 CTTCAGCCTAGAATCAGGAGATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGTCTGCAGCAGTTTGGG  6390

Qy   181 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACATGTTGCGACTGTTGGGGTTGATTGGTGTATTTGC   240
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6391 GTTGGCTTCCGGAGCACATATTTGACATGTTGCGACTGTTGGGGTTTGGGTTTGTATTTGC  6450

Qy   241 TCTGAATCCTAAATGCTGTCGTCCTTGAGGCATCTAGAAATCGTGTGGTCAGAATTCT   300
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6451 TCTGAATCCTAAATGCTGTCGTCCTTGAGGCATCTAGAAATCGTGTGGTCAGAATTCT  6510

Qy   301 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTTGCGTTCTGCCTTCTCAGGGCTGGAGTCTGTAGT   360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6511 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTTGCGTTCTGCCTTCTCAGGGCTGGAGTCTGTAGT  6570

Qy   361 CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGCTATCTTTTGGTCCATGTT   420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6571 CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGCTATCTTTTGGTCCATGTT  6630

Qy   421 CAACCAAACAACCGGATAAACCATTAGAACCTTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA   480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6631 CAACCAAACAACCGGATAAACCATTAGAACCTTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA  6690

Qy   481 ACCTAGGAGTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAACTTTACAT   540
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6691 ACCTAGGAGTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAACTTTACAT  6750

Qy   541 TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT   600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6751 TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT  6810

Qy   601 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACTTGATTTA   660
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6811 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACTTGATTTA  6870

Qy   661 CATTCTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCCTCGCAGAGTTCAGGAGTTCTTCAAGA   720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6871 CATTCTTTACTTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCCTCGCAGAGTTCAGGAGTTCTTCAAGA  6930

Qy   721 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT   780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6931 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGT  6990

Qy   781 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTATGCTTCATGGCTATGG   840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6991 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTATGCTTCATGGCTATGG  7050

Qy   841 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATAGAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCAAGGGGCAA   900
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7051 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATAGAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCAAGGGGCAA  7110

Qy   901 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCGTTGTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA   960
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7111 GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCGTTGTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA  7170

Qy   961 GCAGTATCTTCTCATACAATGATGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC  1020
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7171 GCAGTATCTTCTCATACAATGATGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGGAAC  7230

Qy  1021 TCAACTGAGCCTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTTGGTTGCAGCAGACATGTCGACCACCTTCATGG  1080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7231 TCAACTGAGCCTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTTGGTTGCAGCAGACATGTCGACCACCTTCATGG  7290

Qy  1081 CTGAACTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTGATAGGCTGTAACCCAACATT  1140
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7291 CTGAACTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTGATAGGCTGTAACCCAACATT  7350

Qy  1141 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTCGTGGCCCGTGTAAACACAG  1200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7351 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTCGTGGCCCGTGTAAACACAG  7410

Qy  1201 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGATGACCTCCCAGTTTGGG  1260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7411 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGATGACCTCCCAGTTTGGG  7470

Qy  1261 AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCACACTCCTTCACAGGGGTT  1320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7471 AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGCACACTCCTTCACAGGGTT  7530
```

```
Qy  3481 CTGTGCCAGCAGCATCAGCTTCATCTCGTACCACCATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG  3540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9456 CTGTGCCAGCAGCATCAGCTTCATCTCGTACCACCATCTTGTAACAGGGACTACCCAGGACCCTG  9515

Qy  3541 ATGAACACCATGTGTGTGCGAGGAAGAGGGGGTGAGGCATGGACTCCTGTGTCAGA  3600
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9516 ATGAACACCATGTGTGTGCGAGGAAGAGGGGGTGAGGCATGGACTCCTGTGTCAGA  9575

Qy  3601 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGGACTGGC  3645
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9576 GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGGTGGGGAGGAGGCTGTGGGACTGGC  9620
```

```
Qy   1321  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGCTGCTGTGGAGA  1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7531  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGCTGCTGTGGAGA  7590

Qy   1381  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG  1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7591  GTGACTTCTATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTTCAG  7650

Qy   1441  CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCTC  1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7651  CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGCCCTC  7710

Qy   1501  ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCT  1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7711  ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCT  7770

Qy   1561  GGATGCAAGGGGCTCCAGAGACCATGATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  1620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7771  GGATGCAAGGGGCTCCAGAGACCATGATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  7830

Qy   1621  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCGACTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT  1680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7831  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGATGCGACTTCCTTGACCCCTATCTCAGATCTTGACT  7890

Qy   1681  TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGAGAGCCCATCATAATCTCTCTGTCC  1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7891  TTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGAGAGCCCATCATAATCTCTCTGTCC  7950

Qy   1741  TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTG  1800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7951  TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTG  8010

Qy   1801  TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAA  1860
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8011  TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAAA  8070

Qy   1861  AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAAACACATAAGTAACCTG  1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8071  AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAAACACATAAGTAACCTG  8130

Qy   1921  CCAGTTTTGTGCTGGTGGTCTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCCAAAGAGATTTATTAC  1980
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8131  CCAGTTTTGTGCTGGTGGTCTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCCAAAGAGATTTATTAC  8190

Qy   1981  CCACACTAAGGAGGCAGCAGTTCAGGTGATGACACAGGGGTTGTGTTCACTTTGCCCCCAATT  2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8191  CCACACTAAGGAGGCAGCAGTTCAGGTGATGACACAGGGGTTGTGTTCACTTTGCCCCCAATT  8250

Qy   2041  CATATGGGATGATCAGAACTTCAGGTAGTAGAAGGTACTAGACAAACTTGTCCAGTCTT  2100
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8251  CATATGGGATGATCAGAACTTCAGGTAGTAGAAGGTACTAGACAAACTTGTCCAGTCTT  8310

Qy   2101  CAACCTAGGCTGAGAATCTCAATCTTATATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGAACTTGTCCAGTCTT  2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8311  CAACCTAGGCTGAGAATCTCAATCTTATATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGAGAACCGTTATCCTTGCT  8370

Qy   2161  TGTATCTGACGGAGATATATCTTTATATATTTGGGTTGAAAGCAGAGAACCGTTATTGCCTTTGCT  2220
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8371  TGTATCTGACGGAGATATATCTTTATATATTTGGGTTGAAAGCAGAGAACCGTTATTGCCTTTGCT  8430

Qy   2221  CATATTGTATTTATTTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATGAGACGTTAACTTT  2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8431  CATATTGTATTTATTTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATGAGACGTTAACTTT  8490

Qy   2281  ATTATCTAAGCAGTAAGCAAACCTTAGATCTGAAGGCCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT  2340
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8491  ATTATCTAAGCAGTAAGCAAACCTTAGATCTGAAGGCCGATACCATCTTGCAAGGCTATCT  8550

Qy   2341  GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCAGAAAAGAAAACCGTATTATTGCCTTTGCT  2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8551  GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCAGAAAAGAAAACCGTATTATTGCCTTTGCT  8610

Qy   2401  CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAAACCATGGAAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC  2460
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8611  CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAAACCATGGAAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC  8670

Qy   2461  AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCTGCGAGGACAGCAGTCCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA  2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8671  AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCTGCGAGGACAGCAGTCCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA  8730

Qy   2521  CATCTGGCTTCACCGCTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCACCATGTTTGGCA  2580
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8731  CATCTGGCTTCACCGCTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCACCATGTTTGGCA  8790

Qy   2581  GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGACATGGGTGG  2640
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8791  GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGACATGGGTGG  8850

Qy   2641  GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG  2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8851  GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG  8910

Qy   2701  AAGAGGCTGGAGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC  2760
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8911  AAGAGGCTGGAGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCC  8970

Qy   2761  CCAAGGGAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGGTACTGGGAATGGCCTGAG  2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8971  CCAAGGGAGGAGGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGGTACTGACGTGGGAATGGCCTGAG  9030

Qy   2821  AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC  2880
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9031  AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGTTGAGTTGC  9090

Qy   2881  AGGGGTTTGTTAGCTTGGTGTGTGAAGTAATGGAGTAATGGCTTCCTGATTCTCAAGAGGACT  2940
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9091  AGGGGTTTGTTAGCTTGGTGTGTGAAGTAATGGAGTAATGGCTTCCTGATTCTCAAGAGGACT  9150

Qy   2941  GGCTCCAGGGTTGGTGTGAAGTAATGGGATCCTCACTCACTCCACTTGAGGGTAATCACC  3000
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9151  GGCTCCAGGGTTGGTGTGAAGTAATGGGATCCTCACTCACTCCACTTGAGGGTAATCACC  9210

Qy   3001  GAGAGTTGCCATGGTTTGATCTTTCCATCTACTCCTACTCCTTGAGGGTAATCACC  3060
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9211  GAGAGTTGCCATGGTTTGATCTTTCCATCTACTCCTACTCCTTGAGGGTAATCACC  9270

Qy   3061  TACTCTTCTAGTTCCAAAGAGTGCGCCTGCCGAGTATAATCTGCACATGCCCATGTC  3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9271  TACTCTTCTAGTTCCAAAGAGTGCGCCTGCCGAGTATAATCTGCACATGCCCATGTC  9330

Qy   3121  CCGAGGCCTGGGCCATCATGATGTGGGACGTGGCTCCCGGTGGATGTGGCGGAGCCGG  3180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9331  CCGAGGCCTGGGCCATCATGATGTGGGACGTGGCTCCCGGTGGATGTGGCGGAGCCGG  9390

Qy   3181  CGCCATGAGTGCCGACTCATCATCATCCCTGCCAGCCGCCTCTCCCGTGTGCCGAGGCCCAA  3240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9391  CGCCATGAGTGCCGACTCATCATCATCCCTGCCAGCGCGCCTCTCCCGTGTGCCGAGGCCCAA  9450

Qy   3241  CCATGGAGCTGTGGACGTGGCTGCGCTCCCCTGGATGTGGCTTGCCTTGGCTGCCAGGCCGGG  3300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9451  CCATGGAGCTGTGGACGTGGCTGCGCTCCCCTGGATGTGGCTTGCCTTGGCTGCCAGGCCGGG  9510

Qy   3301  CCTGGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACGCAGGAAAAACCAGGACTTGGTGGGAAGGTGCTAGAGAA  3360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9511  CCTGGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACGCAGGAAAAACCAGGACTTGGTGGGAAGGTGCTAGAGAA  9570

Qy   3361  TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGGACACAGGAGCCT  3420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9571  TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGGACACAGGAGCCT  9630

Qy   3421  GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCCCACTGTCTCTCCCCAGTAGTGTCTCCCAGATACAGAGGCA  3480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9631  GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCCCACTGTCTCTCCCCAGTAGTGTCTCCCAGATACGAGGCA  9690

Qy   3481  CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTGAACAGGGACTACCCCAGGACCCTG  3540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   9691  CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAAACAGGACTACCCAGGACCCTG 9750
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Qy   3541  ATGAACACCATGGTGTGTGCAGGAAGAGGGGGGTGAAGGCATGGACTCCTGTGGTCAGA 3600

Db   9751  ATGAACAACCATGGTGTGTGCAGGAAGAGGGGGGTGAAGGCATGGACTCCTGTGGTCAGA 9810

Qy   3601  GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGCTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 3645
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9811  GCCCAGAGGGGGCCATGACGGGCTGGGGAGGAGGCTGTGGACTGGC 9855
```

RESULT 8
AC011523
LOCUS   AC011523   40458 bp   DNA   linear   PRI 28-JUN-2000
DEFINITION Homo sapiens chromosome 19 clone LLNLF-214C7, complete sequence.
ACCESSION   AC011523
VERSION   AC011523.3 GI:8778953
KEYWORDS   HTG.
SOURCE   Homo sapiens (human)
  ORGANISM Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1 (bases 1 to 40458)
  AUTHORS   DOE Joint Genome Institute and Stanford Human Genome Center.
  TITLE   Direct Submission
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2 (bases 1 to 40458)
  AUTHORS   DOE Joint Genome Institute.
  TITLE   Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (07-OCT-1999) Production Sequencing Facility, DOE Joint
            Genome Institute, 2800 Mitchell Drive, Walnut Creek, CA 94598, USA
REFERENCE   3 (bases 1 to 40458)
  AUTHORS   DOE Joint Genome Institute and Stanford Human Genome Center.
  TITLE   Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (28-JUN-2000) DOE Joint Genome Institute, 2800 Mitchell
            Drive, Walnut Creek, CA 94598, USA
COMMENT   On Jun 28, 2000 this sequence version replaced gi:7690159.
            Draft Sequence Produced by DOE Joint Genome Institute
            www.jgi.doe.gov
            Finishing Completed at Stanford Human Genome Center
            www-shgc.stanford.edu
            Quality: Phrap Quality >=40 100% of Sequence;
            Estimated Total Number of Errors is 0.
            STS Content:
            WI-9055 G07097.
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1..40458
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="19"
                     /clone="LLNLF-214C7"
ORIGIN

Query Match   75.4%; Score 2750; DB 9; Length 40458;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 3520; Conservative   0; Mismatches   13; Indels   1; Gaps   1;

```
Qy      1  GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAGATGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA 60
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  35824  GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAGATGTCCAAAGATGGAAAATGTTTGAGAACTA 35883

Qy     61  CTGTCCAGAGATTTCCTGAGTGTCTAGAGTGTGGGAATATAGAAACCTGGAGCTTGGCTT 120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  35884  CTGTCCAGAGATTTCCTGAGTGTCTAGAGTGTGGGAATATAGAAACCTGGAGCTTGGCTT 35943

Qy    121  CTTCAGCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTTGCAACTGTGATTTGGGGTTTGTATTG 180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  35944  CTTCAGCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTTGCAACTGTGATTTGGGGTTTGTATTG 36003

Qy    181  GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTTGCGACTGTGGTTTGGGTTTGGTATTTGC 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36004  GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTTGCGACTGTGGTTTGGGTTTGGTATTTGC 36063
```

```
Qy    241  TCTGAATCTAATGCTCTGTCCTTGGAGGCATCGAAATCTGTGTGGTCAGAATTCT 300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36064  TCTGAATCTAATGCTCTGTCCTTGGAGGCATCAGAAATCTGTGTGGTCAGAATTCT 36123

Qy    301  ATTATCTTGAGTAGGACATCTCAGTCGTTCGCTTCTCAGGGCTGGAGTCTGTAGT 360
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36124  ATTATCTTGAGTAGGACATCTCAGTCGTTCGCTTCTCAGGGCTGGAGTCTGTAGT 36183

Qy    361  CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTGTCCATGTTT 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36184  CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTGTCCATGTTT 36243

Qy    421  CAACCAAACAACGAATAAACCATTAGAACCTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36244  CAACCAAACAACGAATAAACCATTAGAACCTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA 36303

Qy    481  ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAACTTACAT 540
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36304  ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAACTTACAT 36363

Qy    541  TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCGGATT 600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36364  TCCTTCTACCGTTATTCTACACCCACCTTAAAAAATGCATTCCCAATATATTCCCGGATT 36423

Qy    601  CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA 660
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36424  CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAACATACCTGATTTA 36483

Qy    661  CATTCTTTTACTTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36484  CATTCTTTTACTTTAAAGTGAAATAAGAGTCCCTCTGCAGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA 36543

Qy    721  TGGCCCTTACTTCTGACATCATCAATTGAGATTCAAGGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT 780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36544  TGGCCCTTACTTCTGACATCATCAATTGAGATTCAAGGGAGTCACCAAGATCATCCTCAGGT 36603

Qy    781  TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCAATAAACTCAATGAAAGTTGTATGCTCATGGCTATGG 840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36604  TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCAATAAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG 36663

Qy    841  TTTATTACAGCAAAGAATAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAGTTGCATGGGGCAAA 900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36664  TTTATTACAGCAAAGAATAGAATAGAGATGAAAATCTAGCAGTTGCATGGGGCAAA 36723

Qy    901  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA 960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36724  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTCTCCCAGTGGTGTCATGGAAA 36783

Qy    961  GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTAATAATTCAGTGTATAATATTGCCAATCAGGGAAC 1020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36784  GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTAATAATTCAGTGTATAATATTGCCAATCAGGGAAC 36843

Qy   1021  TCAACTGAGCCTTGATTATTGGAGCTTGGTTGCACAGACACCTTCATGG 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36844  TCAACTGAGCCTTGATTATTGGAGCTTGGTTGCACAGACACCTTCATGG 36903

Qy   1081  CTGAACTTAGTACTTAGCCCTCCAGCGTCTGATAGGCTGTAACCCAACATT 1140
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36904  CTGAACTTAGTACTTAGCCCTCCAGCGTCTGATAGGCTGTAACCCAACATT 36963

Qy   1141  GTCACCATAAATCACATTGTAGATATCCAGTGTCCCGTGTAAACACAG 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36964  GTCACCATAAATCACATTGTAGACTATCCAGTGTCCCGTGTAAACACAG 37023

Qy   1201  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATCCTCCAGAGCTGAATGC 1260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37024  GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGAACCTCCAGAGCTGAATGC 37083

Qy   1261  AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAATCCTTTACCGCAAGGAGAATCCTTTAC 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37084  AAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAATCCTTTACGCAACACTTCCTTCACAGGGTT 37143
```

```
Qy  1321 ATTGTGAGGATCAAATGGTCATGTGTGTGAGACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGA 1380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37144 ATTGTGAGGATCAAATGGTCATGTGTGTGAGACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGA 37203

Qy  1381 GTGACTTCTATGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTCAG 1440
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37204 GTGACTTCTATGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGGCTTCAG 37263

Qy  1441 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGTGGCACTACTAGCCTC 1500
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37264 CACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGTGGCACTACTAGCCTC 37323

Qy  1501 ATTTGACAGAGAAAGGACTGTGGATAAGAAGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCT 1560
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37324 ATTTGACAGAGAAAGGACTGTGGATAAGAAGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCT 37383

Qy  1561 GGATGCAAGGGCTCCAGAGACCATGATTAGACATTGCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 1620
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37384 GGATGCAAGGGCTCCAGAGACCATGATTAGACATTGCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 37443

Qy  1621 ATGTCTCTGCCCCGGAAAAGGGATGCACTTCCTCTATGATACCAGGAGCTCTCTGTCC 1680
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37444 ATGTCTCTGCCCCGGAAAAGGGATGCACTTCCTCTATGATACCAGGAGCTCTCTGTCC 37503

Qy  1681 TTGAGGTTATCTCAGACTTCTTCAGACTCTGTAGGTTCAGACTTCTGTTACCGACTCT 1740
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37504 TTGAGGTTATCTCAGACTTCTTCAGACTCTGTAGGTTCAGACTTCTGTTACCGACTCT 37563

Qy  1741 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCACTCTTCCCAGCTGGCCAGGTG 1800
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37564 TCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCACTCTTCCCAGCTGGCCAGGTG 37623

Qy  1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAA 1860
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Db 37624 TAGCCACAGTACCTAACTCTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAG-AAA 37682

Qy  1861 AAAAAAGAACTCTGAAAGCTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 1920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37683 AAAAAAGAACTCTGAAAGCTTGCAAACACATAAGCTAACCTG 37742

Qy  1921 CCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCATCATGAGACTCCTGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37743 CCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCATCATGAGACTCCTGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 37802

Qy  1981 CCACAGTCAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACTTTGTTCACTTTGCCCCCAATT 2040
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37803 CCACAGTCAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACTTTGTTCACTTTGCCCCCAATT 37862

Qy  2041 CATATGGGATGATCAGCAGTTCAGGTGGATGGACACAGAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 2100
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37863 CATATGGGATGATCAGCAGTTCAGGTGGATGGACACAGAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT 37922

Qy  2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCCAAATCTTATAATTGGGTTGAAAGCAGAACTTGTCCAGTCTT 2160
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37923 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCCAAATCTTATAATTGGGTTGAAAGCAGAACTTGTCCAGTCTT 37982

Qy  2161 TGTATCTGACGGAGATATTCTTTATAAATCTGTAAAACAAATCTGCTGAAAGCAGACCTAACTTT 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 37983 TGTATCTGACGGAGATATTCTTTATAAATCTGTAAAACAAATCTGCTGAAAGCAGACCTAACTTT 38042

Qy  2221 CATATATTGTAAGCAGTAGTAAGCTTGAACAAATCTTGAACAGTAAACAAATCTTGAAGGCTATCT 2280
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38043 CATATATTGTAAGCAGTAGTAAGCTTGAACAAATCTTGAACAGTAAACAAATCTTGAAGGCTATCT 38102

Qy  2281 ATTATCTAGACAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCATCTTGAAGGCTATCT 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38103 ATTATCTAGACAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCATCTTGAAGGCTATCT 38162

Qy  2341 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 2400
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38163 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT 38222

Qy  2401 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 2460
```

```
Db 38223 CAGAAGACACACAGAAACATAAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 38282

Qy  2461 AGAGCCTTCACCTCTTGTCTGCGCTGCTAACCAGATTCTAGGTGCGAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38283 AGAGCCTTCACCTCTTGTCTGCGCTGCTAACCAGATTCTAGGTGCGAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 38342

Qy  2521 CATCTGGCTTCACCTGCTCACTGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCAGTTCCCACCATGTTGGCA 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38343 CATCTGGCTTCACCTGCTCACTGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCAGTTCCCACCATGTTGGCA 38402

Qy  2581 GTGCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG 2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38403 GTGCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG 38462

Qy  2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCGAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38463 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCGAGAGGGGCCCATACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 38522

Qy  2701 AAGAGGCTGGAGTGAATGTCCTGGAGGGAGGAATGGCCTGAGTGCCTGAGGTGGGAATGGCCTGAG 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38523 AAGAGGCTGGAGTGAATGTCCTGGAGGGAGGAATGGCCTGAGTGCCTGAGGTGGGAATGGCCTGAG 38582

Qy  2761 CCAAGGGAGGAGAGACTGGTAAGGTCCGAGGTCCGAGGTACGACGTGGAATGGCTTGAGTTGC 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38583 CCAAGGGAGGAGAGACTGGTAAGGTCCGAGGTCCGAGGTACGACGTGGAATGGCTTGAGTTGC 38642

Qy  2821 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGAAGGAGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 2880
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38643 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGAAGGAGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 38702

Qy  2881 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTTCCTTGGTGGGTCCCTGGGTCCTGGAAGCAAGACTGAACCATT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38703 AGGGGTTGTTAGCTTGAGACTTCCTTGGTGGGTCCCTGGGTCCTGGAAGCAAGACTGAACCATT 38762

Qy  2941 GGCTCCAGGGTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 3000
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38763 GGCTCCAGGGTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACT 38822

Qy  3001 GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTACTCCTACTCCTTGAGGGTAATCACC 3060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38823 GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTTCCATCTACTCCTACTCCTTGAGGGTAATCACC 38882

Qy  3061 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCTGCGCCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 3120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38883 TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCTGCGCCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC 38942

Qy  3121 CCGAGGCCTGGGCATCATCATCCTGGGTGGGGCTATGCGCTATGGGGCGAGGGCCGG 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 38943 CCGAGGCCTGGGCATCATCATCCTGGGTGGGGCTATGCGCTATGGGGCGAGGGCCGG 39002

Qy  3181 CGCATGAGCGTCATGTGACGTGCGTCCCGTGGATTGTGCCTCTCCGTGGTGTCCCAA 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 39003 CGCATGAGCGTCATGTGACGTGCGTCCCGTGGATTGTGCCTCTCCGTGGTGTCCCAA 39062

Qy  3241 CCATGGAGCTGTGCGATAAAGATCCTAGAGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGCCT 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 39063 CCATGGAGCTGTGCGATAAAGATCCTAGAGAAATCTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGCCT 39122

Qy  3301 TGGCCATAATGTCGCTGTCCATGAAATCTTGGGTGGCCACAGGAGCCT 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 39123 TGGCCATAATGTCGCTGTCCATGAAATCTTGGGTGGCCACAGGAGCCT 39182

Qy  3361 GAACTTACGGGTTTGCCCAGTCCACTGTCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGCGA 3420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 39183 GAACTTACGGGTTTGCCCAGTCCACTGTCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGCGA 39242

Qy  3421 GCTGTGCAAATATGCTTGCCCAGTCCACTGTCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 39243 GCTGTGCAAATATGCTTGCCCAGTCCACTGTCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 39302

Qy  3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACGAGGACTACCCAGG 3534
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      39303  CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGG 39356

RESULT 9
AC027602/c
LOCUS       AC027602        217346 bp    DNA     linear    HTG 24-AUG-2002
DEFINITION  Homo sapiens chromosome 19 clone RP11-795B6 map 19, WORKING DRAFT
            SEQUENCE, 12 unordered pieces.
ACCESSION   AC027602
VERSION     AC027602.4  GI:11178143
KEYWORDS    HTG; HTGS_PHASE1; HTGS_DRAFT.
SOURCE      Homo sapiens (human)
ORGANISM    Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 217346)
AUTHORS     Birren,B., Linton,L., Nusbaum,C. and Lander,E.
TITLE       Homo sapiens chromosome 19, clone RP11-795B6
JOURNAL     Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 217346)
AUTHORS     Birren,B., Linton,L., Nusbaum,C., Lander,E., Abraham,H., Allen,N.,
            Anderson,S., Baldwin,J., Barna,N., Bastien,V., Beda,F.,
            Boguslavkiy,L., Boukhgalter,B., Brown,A., Burkett,G.,
            Campopiano,A., Castle,A., Choepe,Y., Colangelo,M., Collins,S.,
            Collymore,A., Cooke,P., DeArellano,K., Dewar,K., Diaz,J.S.,
            Dodge,S., Domino,M., Doyle,M., Ferreira,P., FitzHugh,W., Gage,D.,
            Galagan,J., Gardyna,S., Ginde,S., Goyette,M., Graham,L.,
            Grand-Pierre,N., Grant,G., Hagos,B., Heaford,A., Horton,L.,
            Howland,J.C., Iliev,I., Johnson,R., Jones,C., Kann,L., Karatas,A.,
            Klein,J., LaRocque,K., Lamazares,R., Landers,T., Lehoczky,J.,
            Levine,R., Lieu,C., Liu,G., Locke,K., Macdonald,P., Marquis,N.,
            McCarthy,M., McEwan,P., McGurk,A., McKernan,K., McPheeters,R.,
            Meldrim,J., Meneus,L., Mihova,T., Miranda,C., Mlenga,V., Morrow,J.,
            Murphy,T., Naylor,J., Norman,C.H., O'Connor,T., O'Donnell,P.,
            O'Neil,D., Olivar,T.M., Oliver,J., Peterson,K., Pierre,N.,
            Pisani,C., Pollara,V., Raymond,C., Riley,R., Rogov,P., Rothman,D.,
            Roy,A., Santos,R., Schauer,S., Severy,P., Spencer,B.,
            Stange-Thomann,N., Stojanovic,N., Subramanian,A., Talamas,J.,
            Tesfaye,S., Theodore,J., Tirrell,A., Travers,M., Trigilio,J.,
            Vassiliev,H., Viel,R., Vo,A., Wilson,B., Wu,X., Wyman,D., Ye,W.J.,
            Young,G., Zainoun,J., Zimmer,A. and Zody,M.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (30-MAR-2000) Whitehead Institute/MIT Center for Genome
            Research, 320 Charles Street, Cambridge, MA 02141, USA
REFERENCE   3  (bases 1 to 217346)
AUTHORS     Birren,B., Linton,L., Nusbaum,C., Lander,E., Abraham,H., Allen,N.,
            Anderson,S., Barna,N., Bastien,V., Beda,F., Boguslavkiy,L.,
            Boukhgalter,B., Brown,A., Burkett,G., Campopiano,A., Castle,A.,
            Choepel,Y., Colangelo,M., Collins,S., Collymore,A., Cooke,P.,
            DeArellano,K., Dewar,K., Diaz,J.S., Dodge,S., Ferreira,P.,
            FitzHugh,W., Gage,D., Galagan,J., Gardyna,S., Ginde,S., Goyette,M.,
            Graham,L., Grand-Pierre,N., Jones,C., Hagos,B., Heaford,A., Horton,L.,
            Iliev,I., Johnson,R., Jones,C., Kann,L., Karatas,A., LaRocque,K.,
            Lamazares,R., Landers,T., Lehoczky,J., Levine,R., Lieu,C., Liu,G.,
            Macdonald,P., Marquis,N., McCarthy,M., McEwan,P., McKernan,K.,
            McPheeters,R., Meldrim,J., Meneus,L., Mihova,T., Mlenga,V.,
            Morrow,J., Murphy,T., Naylor,J., Norman,C.H., O'Connor,T.,
            O'Donnell,P., O'Neil,D., Olivar,T.M., Oliver,J., Peterson,K.,
            Pierre,N., Pisani,C., Pollara,V., Raymond,C., Rieback,M., Riley,R.,
            Rogov,P., Rothman,D., Roy,A., Santos,R., Schauer,S., Severy,P.,
            Sougnez,C., Spencer,B., Stange-Thomann,N., Stojanovic,N.,
            Strauss,N., Subramanian,A., Talamas,J., Tesfaye,S., Theodore,J.,
            Tirrell,A., Travers,M., Trigilio,J., Vassiliev,H., Viel,R., Vo,A.,
            Wilson,B., Wu,X., Wyman,D., Ye,W.J., Young,G., Zainoun,J.,
            Zimmer,A. and Zody,M.
TITLE       Direct Submission
JOURNAL     Submitted (24-AUG-2002) Whitehead Institute/MIT Center for Genome
            Research, 320 Charles Street, Cambridge, MA 02141, USA
COMMENT     On Nov 15, 2000 this sequence version replaced gi:11136831.
            All repeats were identified using RepeatMasker:
            Smit, A.F.A. & Green, P. (1996-1997)
            http://ftp.genome.washington.edu/RM/RepeatMasker.html
            ------------- Genome Center
            Center: Whitehead Institute/ MIT Center for Genome Research
            Center code: WIBR
            Web site: http://www-seq.wi.mit.edu
            Contact: sequence submissions@genome.wi.mit.edu
            ------------- Project Information
            Center project name: 19166
            Center clone name: 795_B6
            ------------- Summary Statistics
            Sequencing vector: M13; M77815; 31% of reads
            Sequencing vector: Plasmid; n/a; 69% of reads
            Chemistry: Dye-terminator Big Dye; 100% of reads
            Assembly program: Phrap; version 0.960731
            Consensus quality: 210748 bases at least Q40
            Consensus quality: 213655 bases at least Q30
            Consensus quality: 215058 bases at least Q20
            Insert size: 194000; agarose-fp
            Insert size: 216246; sum-of-contigs
            Quality coverage: 11.9 in Q20 bases; agarose-fp
            Quality coverage: 10.7 in Q20.
            * NOTE:This is a 'working draft' sequence. It currently
            * consists of 12 contigs. The true order of the pieces
            * is not known and their order in this sequence record is
            * arbitrary. Gaps between the contigs are represented as
            * runs of N, but the exact sizes of the gaps are unknown.
            * This record will be updated with the finished sequence
            * as soon as it is available and the accession number will
            * be preserved.
            *         1:      8149:  contig of 8149 bp in length
            *                 8150:  gap of 100 bp
            *         8150:   8249:  gap of 100 bp
            *         8250:   9592:  contig of 1343 bp in length
            *         9593:   9692:  gap of 100 bp
            *         9693:  10733:  contig of 1041 bp in length
            *        10734:  10833:  gap of 100 bp
            *        10834:  13519:  contig of 2686 bp in length
            *        13520:  13619:  gap of 100 bp
            *        13620:  17510:  contig of 3891 bp in length
            *        17511:  17610:  gap of 100 bp
            *        17611:  24602:  contig of 6992 bp in length
            *        24603:  24702:  gap of 100 bp
            *        24703:  35434:  contig of 10732 bp in length
            *        35435:  35534:  gap of 100 bp
            *        35535: 124474:  contig of 88940 bp in length
            *       124475: 124574:  gap of 100 bp
            *       124575: 134664:  contig of 10090 bp in length
            *       134665: 134764:  gap of 100 bp
            *       134765: 162343:  contig of 27579 bp in length
            *       162344: 162443:  gap of 100 bp
            *       162444: 208917:  contig of 46474 bp in length
            *       208918: 209017:  gap of 100 bp
            *       209018: 217346:  contig of 8329 bp in length.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..217346
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="19"
                     /map="19"
                     /clone="RP11-795B6"
                     /clone_lib="RPCI-11 Human Male BAC"
     misc_feature    1..8149
                     /note="assembly_fragment"
                     clone_end:SP6
                     vector_side:left"
     misc_feature    8250..9592
                     /note="assembly_fragment"
     misc_feature    9693..10733
                     /note="assembly_fragment"
     misc_feature    10834..13519
                     /note="assembly_fragment"
     misc_feature    13620..17510
                     /note="assembly_fragment"
     misc_feature    17611..24602
                     /note="assembly_fragment"
```

```
misc_feature      24703..35434
                  /note="assembly_fragment"
misc_feature      35535..124474
                  /note="assembly_fragment"
misc_feature      124575..134664
                  /note="assembly_fragment"
misc_feature      134765..162343
                  /note="assembly_fragment"
misc_feature      162444..208917
                  /note="assembly_fragment"
misc_feature      209018..217346
                  /note="assembly_fragment
                  clone_end:T7
                  vector_side:right"

ORIGIN

Query Match       75.4%;      Score 2750;    DB 2;    Length 217346;
Best Local Similarity   99.6%;
Matches 3520;     Conservative 0;   Mismatches 0;   Indels 13;   Gaps 1;

Qy      1 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCAAAGATGGAAAATGTTGAGAACTA      60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80797 GGCCCTCAATAATTGTTAAGAGTGTAAATGTGTCAAAGATGGAAAATGTTGAGAACTA   80738

Qy     61 CTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTGTCTGAGTGTGGGAATAGAACCTGGCTT         120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80737 CTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTGTCTGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGCTT       80678

Qy    121 CTTCAGCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTTGGG          180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80677 CTTCAGCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGTCTGAAGCTTGGCTTGGG        80618

Qy    181 GTTGGGCTTCCGGAGCCACATATTGACATGTTGCACTGTGATTGGGTTGGTATTTGC    240
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80617 GTTGGGCTTCCGGAGCCACATATTGACATGTTGCACTGTGATTGGGTTGGTATTTGC   80558

Qy    241 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGTCAGAATTCT  300
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80557 TCTGAATCCTAATGTCTGTCCTTGAGGCATCTAGAATCTGAAATCTGTGTCAGAATTCT 80498

Qy    301 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCAGTCCTGGTTCTGCTTCTATATACAGTGTAGT  360
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80497 ATTATCTTGAGTAGGACATCTCCAGTCCTGGTTCTGCTTCTATATACAGTGTAGT     80438

Qy    361 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTGTCCATGTTT    420
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80437 CAGTGACCCGGTCTGGCATTTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTGTCCATGTTT  80378

Qy    421 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCCAGTCTGCAATGTTAA 480
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80377 CAACCAAACAACCGAATAAACCATTAGAACCTTCCCCACTTCCCCAGTCTGCAATGTTAA 80318

Qy    481 ACCTAGGATTCTGTTGTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTACAT 540
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80317 ACCTAGGATTTCTGTTGTTAATAGGTTCATATGAATAATTTCAGCCTGATCCAACTTACAT 80258

Qy    541 TCCTTCTACGGTTATTCTACACCCACCTAAAAATGCATTCCCAATATATCCCTGGATT    600
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80257 TCCTTCTACGGTTATTCTACACCCACCTAAAAATGCATTCCCAATATATCCCTGGATT  80198

Qy    601 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAAACTACCTGATTTA 660
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80197 CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTTCTAGTGCATTAAACTACCTGATTTA 80138

Qy    661 CATTCTTTACTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCGCGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA    720
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80137 CATTCTTTACTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCGCGAGTTCAGGAGTTCTCAAGA  80078

Qy    721 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGAGTCGCCAAGATCATCCTCCAGGT 780
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80077 TGGCCCTTACTTCTGACATCAATTGAGATTTCAAGGAGTCGCCAAGATCATCCTCCAGGT 80018

Qy    781 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTTCAATGAGAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  80017 TCAGTGATTGCTGGTAGCCCTCATATAACTTCAATGAGAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG 79958

Qy    841 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAATCTTAGCAAGGGAGGAGAGTTGCATGGGCAAA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79957 TTTATTACAGCAAAAGAATAGAGATGAAAATCTTAGCAAGGGAGGAGAGTTGCATGGGCAAA 79898

Qy    901 GACAAGGAGAGCTCCAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGTGTCATGAAA      960
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79897 GACAAGGAGAGCTCCAGTGCAGAGATTCCTGTGTTTTCTCCCAGTGTGTCATGAAA    79838

Qy    961 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGAAC    1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79837 GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATAATATTCAGTGTATTGCCAATCAGGAAC  79778

Qy   1021 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACACCTTCATGG    1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79777 TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTCGACACCTTCATGG  79718

Qy   1081 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGTGATGAGGCGTGTAACCCAACATT  1140
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79717 CTGAACTTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGTGATGAGGCGTGTAACCCAACATT 79658

Qy   1141 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCGTGTAAACACAG    1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79657 GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCGTGTAAACACAG  79598

Qy   1201 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACTCCCAGGAGCTGAATGC    1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79597 GCACTCTAAACAGGCAGGATATTTCAAAAGCTTAGAGATGACTCCCAGGAGCTGAATGC  79538

Qy   1261 AAAGACCTGCCTCTTTGGCAAGGAGAATCCTTACCGACACACTCCTTCACACTCAGGGTT   1320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79537 AAAGACCTGCCTCTTTGGCAAGGAGAATCCTTACTGCACACTCCTTCACACTCAGGGTT  79478

Qy   1321 ATTGTGAGGATCAAAATGTGTCAACATTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCGTGTGAGA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79477 ATTGTGAGGATCAAAATGTGTCAACATTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCGTGTGAGA 79418

Qy   1381 GTGACTTCTATGTGTGCTCAACATTGCTGAGTGTGTGAGCTGCTAACAGTATTAGGCATGGCCTC 1440
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79417 GTGACTTCTATGTGTGCTCAACATTGCTGAGTGTGTGAGCTGCTAACAGTATTAGGCATGGCCTC 79358

Qy   1441 CACTCACAGATGCTAATCCTCAACAACTAATCCTCCACAACATGGCCAATAGAGAGGGG     1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79357 CACTCACAGATGCTAATCCTCAACAACTAATCCTCCACAACATGGCCAATAGAGAGGGG   79298

Qy   1501 ATTTGACAGAGAAAGGACTGTGATAAGGAGTGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCT       1560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79297 ATTTGACAGAGAAAGGACTGTGATAAGGAGTGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCT     79238

Qy   1561 GGATGCAAGGGGTCCAGAGGACCCATGATTAGACATTGCTCGAGAGAAAATTATGGCTGG   1620
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79237 GGATGCAAGGGGTCCAGAGGACCCATGATTAGACATTGTCTGCGAGAGAAAATTATGGCTGG 79178

Qy   1621 ATGTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT    1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79177 ATGTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACT  79118

Qy   1681 TTGAGGTTATCTGAGACTTCTGAGTTCATTAGTGCTTAGTGCCATAACACCTGATTTA    1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79117 TTGAGGTTATCTGAGACTTCTGAGTTCATTAGTGCCATCATAACACCTGATTTA      79058

Qy   1741 TCTCCCCTTCCCAGTCTACTGCCACGCTCTTCCCAGCTCCGCCAGCTCGGCCAGTG    1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  79057 TCTCCCCTTCCCAGTCTACTGCCACTCTCCCAGCTCCGCCAGCTCGGCCAGTG      78998

Qy   1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACACAGGGAGAAAA 1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78997 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACACAGGGGAG-AAA 78939

Qy   1861 AAAAAAGAACTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAAACACATAAGCTAACCTG    1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78939 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACACAGGGGAG-AAA 78879
```

```
Db  78938  AAAAAAAGAACTCTGAAAGAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTG  78879

Qy   1921  CCAGTTTTGTGTCGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGAGGCAAAAGATTTTATTAC  1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78878  CCAGTTTTGTGTCGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGAGGCAAAAGATTTTATTAC  78819

Qy   1981  CCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATT   2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78818  CCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATT  78759

Qy   2041  CATATGGGATGATCAGAGAGCAGTTCAGGTGGATGGACACAGAGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG  2100
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78758  CATATGGGATGATCAGAGAGCAGTTCAGGTGGATGGACACAGAGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG  78699

Qy   2101  CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  2160
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78698  CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTT  78639

Qy   2161  TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA  2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78638  TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGGAA  78579

Qy   2221  CATATTGATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT  2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78578  CATATTGATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTT  78519

Qy   2281  ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGGCGGATACCATCTTGCAAGGCTATCT  2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78518  ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGGCGGATACCATCTTGCAAGGCTATCT  78459

Qy   2341  GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT  2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78458  GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCT  78399

Qy   2401  CAGAAGACACACAGAAACATAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC  2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78398  CAGAAGACACACAGAAACATAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC  78339

Qy   2461  AGAGCCCTTCCACTCTTGTGTCTGCGAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTTCTACCA  2520
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78338  AGAGCCCTTCCACTCTTGTGTCTGCGAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTTCTACCA  78279

Qy   2521  CATCTGGCTTCACCGTGCTAACCAAGATTCTAGGTCCAGTTCCCACCATGTTTGGCA  2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78278  CATCTGGCTTCACTGTGCTAACCAAGATTCTAGGTCCAGTTCCCACCATGTTTGGCA  78219

Qy   2581  GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGGGACATGGGTGG  2640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78218  GTGCCCCACTGCCAACCCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCGAGGGGACATGGGTGG  78159

Qy   2641  GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCGAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCGAAGGAGG  2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78158  GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCGAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCGAAGGAGG  78099

Qy   2701  AAGAGGCTGGAGTGAATGTGGGTTCGAACTCTTAAATCC  2760
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78098  AAGAGGCTGGAGTGAATGTGGGTTCGAACTCTTAAATCC  78039

Qy   2761  CCAAGGGAGGAGGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGAATGGCCTGAG  2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  78038  CCAAGGGAGGAGGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTACTGACGTGGAATGGCCTGAG  77979

Qy   2821  AGTTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC  2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77978  AGTTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC  77919

Qy   2881  AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCTCCTGATTCTCCTGGAAGCAAGGACTCAGGAACCATT  2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77918  AGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCTCCTGATTCTCCTGGAAGCAAGGACTCAGGAACCATT  77859

Qy   2941  GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGAATCCTGGAAGTAATGTCAGAGGGTCAGAGGACT  3000
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77858  GGCTCCAGGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGAATCCTGGAAGTAATGTCAGAGGGTCAGAGGACT  77799

Qy   3001  GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTCCATCTTCCATCTTCCATCTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC  3060
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77798  GAGAGTTGCCCATGCTTTGATCTTCCATCTTCCATCTTCCATCTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACC  77739

Qy   3061  TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCGTCGCCTGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC  3120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77738  TACTCTTCTAGTTCCACAAGAGTGCGCGTCGCCTGCGAGTATAATCTGCACATGTGCCATGTC  77679

Qy   3121  CCGAGGCCTGGGCATCATCACTCATCATCAGCATCTGCGCTATGCGGGCGAGGCCGG  3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77678  CCGAGGCCTGGGCATCATCACTCATCATCAGCATCTGCACTATCGGGGCGAGGCCGG  77619

Qy   3181  CGCCATGACAGTCATGTAGCTGCGACTATCCCGCGACGCGGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA  3240
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77618  CGCCATGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCCGCGACGCGGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA  77559

Qy   3241  CCATGGAGCGTGTGGACGTGGCGTCCCCTGGTGGATGTGGCCTTGCGTGTGGTGGTGCCAGGCGGGG  3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77558  CCATGGAGCGTGTGGACGTGGCGTCCCCTGGTGGATGTGGCCTTGCGTGTGGTGGTGCCAGGCGCGGG  77499

Qy   3301  CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACCAGAGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA  3360
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77498  CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACCAGAGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA  77439

Qy   3361  TGGCCATATGTGCTGTCCATGAAATCTCAGGACTTCTGGTGGTGAGGGCACAGAGAGCCT  3420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77438  TGGCCATATGTGCTGTCCATGAAATCTCAGGACTTCTGGTGGTGAGGGCACAGAGAGCCT  77379

Qy   3421  GAACTTACGGGTTTGCCCCAGTCCACTGTCTCCCCAAGTGAGTCTTCCCAGTATACGAGGGCA  3480
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77378  GAACTTACGGGTTTGCCCCACTCCACTGTCTCCCCAAGTGAGTCTTCCCAGTATACGAGGCA  77319

Qy   3481  CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCCAGG  3534
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  77318  CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGTCTGTAACAGGGACTACCCAGG  77265
```

```
RESULT 10
AF243527
LOCUS       AF243527                230000 bp    DNA     linear   PRI 21-NOV-2000
DEFINITION  Homo sapiens serine protease gene cluster, complete sequence.
ACCESSION   AF243527
VERSION     AF243527.1  GI:11244757
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 230000)
  AUTHORS   Gan,L., Lee,I., Smith,R., Argonza-Barrett,R., Lei,H., McCuaig,J.,
            Moss,P., Paeper,B. and Wang,K.
  TITLE     Sequencing and expression analysis of the serine protease gene
            cluster located in chromosome 19q13 region
  JOURNAL   Gene 257 (1), 119-130 (2000)
  MEDLINE   20510030
   PUBMED   11054574
REFERENCE   2  (bases 1 to 230000)
  AUTHORS   Gan,L., Lee,I., Smith,R., Argonza-Barrett,R., Lei,H., McCuaig,J.,
            Moss,P., Paeper,B. and Wang,K.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (09-MAR-2000) Chiroscience R & D Inc., 1631 220th St. SE,
            Bothell, WA 98021, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..230000
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="19"
                     /map="19q13"
     gene            complement(<6963..>11517)
                     /gene="KLK1"
     mRNA            complement(join(<6963..7118,7668..7804,7923..8212,
```

```
CDS          9482..9641,11472..>11517))
             /gene="KLK1"
             /product="renal kallikrein"
             complement(join(6963..7118,7668..7804,7923..8212,
             9482..9641,11472..11517))
             /gene="KLK1"
             /note="serine protease"
             /codon_start=1
             /product="renal kallikrein"
             /protein_id="AAG33353.1"
             /db_xref="GI:11244758"
             /translation="MWFLVLCLALSLGGTGAAPPIQSRIVGGWECEQHSQPWQAALYH
             FSTFQCGGILVHRQWVLTAAHCISDNYQLWLGRHNLFDDENTAQFVHVSESFPHPGFN
             MSLLENHTRQADEDYSHDLMLLRLTEPADTITDAVKVVELPTEEPEVGSTCLASGWGS
             IEPENFSFPDDLQCVDLKILPNDECKKAHVQKVTDFMLCVGHLEGGKDTCVGDSGGPL
             MCDGVLQGVTSWGYVPCGTPNKPSVAVRVLSYVKWIEDTIAENS"

mRNA         complement(join(<13552..13704,14377..14530,14678..14917,
             15416..15569,19204..>19246))
             /gene="KLK3"
             /product="ACO protease"

CDS          complement(join(13552..13704,14377..14530,14678..14917,
             15416..15569,19204..19246))
             /gene="KLK3"
             /note="serine protease"
             /codon_start=1
             /product="ACO protease"
             /protein_id="AAG33354.1"
             /db_xref="GI:11244759"
             /translation="MWLLILSFLLASTAAQDGKLLEGDECAPHSQPWQVALYERGR
             FNCGASLISPHWVLSAAHCQSRFMRVRLGEHNLKRRDGPEQLRTTSRVIPHPRYEARS
             HRNDIMLLRLVQPARLNPQVRPAVLPTRCPHPGEACVVSGWGLVPLSSPVSLPDTLHC
             ANISISDTSCDKSYPGRLINTMVCAGAEGRGASSCEGDSGGPLVCGILQGIVSWGD
             VPCDNTTKPGVYTKVCHYLEWIRETMKRN"

gene         <42595..>47769
             /gene="KLK3"

mRNA         join(<42595..42640,43880..44039,45669..45955,46099..46235,
             47614..>47769)
             /gene="KLK3"
             /product="prostate specific antigen"

CDS          join(42595..42640,43880..44039,45669..45955,46099..46235,
             47614..47769)
             /gene="KLK3"
             /codon_start=1
             /note="serine protease"
             /product="prostate specific antigen"
             /protein_id="AAG33355.1"
             /db_xref="GI:11244760"
             /translation="MWVPVVFLTLSVTWIGAAPLILSRIVGGWECEKHSQPWQVLVAS
             RGRAVCGGVLVHPQWVLTAAHCIRNKSVILLGRHSLFHPEDTGQVFQVSHSFPHPLYD
             MSLLKNRFLRPGDDSSHDLMLLRLSEPAELTDAVKVMDLPTQEPALGTTCYASGWGSI
             EPEEFLTPKKLQCVDLHVISNDVCAQVHPQKVTKFMLCAGRWTGGKSTCSGDSGGPLV
             CNGVLQGITSWGSEPCALPERPSLYTKVVHYRKWIKDTIVANP"

gene         <61139..>66229
             /gene="KLK2"

mRNA         join(<61139..61184,62391..62550,64142..64428,64542..64678,
             66074..>66229)
             /gene="KLK2"
             /note="serine protease"
             /product="glandular kallikrein"

CDS          join(61139..61184,62391..62550,64142..64428,64542..64678,
             66074..66229)
             /gene="KLK2"
             /note="glandular kallikrein"
             /product="glandular kallikrein"
             /protein_id="AAG33356.1"
             /db_xref="GI:11244761"
             /translation="MWDLVLSIALSVGCTGAVPLIQSRIVGGWECEKHSQPWQVAVYS
             HGWAHCGGVLVHPQWVLTAAHCLKKNSQWLGRHNLFEPEDTGQRVPVSHSFPHPLYN
             MSLLKLRPDEDSSHDLMLLRLSEPAKITDVVKVLGLPTQEPALGTTCYASGWGSI
             EPEEFIRPRSLQCVSLHLLSNDMCARAYSEKVTEFMLCAGLWTGGKDTCGGDSGGPLV
             CNGVLQGITSWGPEPCALPEKPAVYTKVVHYRKWIKDTIAANP"

mRNA         complement(join(<94602..94754,96027..96163,96247..96497,
             96919..97081,98345..>98405))
             /gene="KLK2"
             /product="serine protease"

CDS          complement(join(94602..94754,96027..96163,96247..96497,
```

```
mRNA         96919..97081,98345..98405))
             /codon_start=1
             /product="serine protease"
             /protein_id="AAG33357.1"
             /db_xref="GI:11244762"
             /translation="MATAGNPWGWFLGYLLGVAGSLVSGSCSQIINGEDCSPHSQPW
             QAALVMNELFCSGVLVHPQWVLSAAHCFQNSYTIGLGLHSLEADQEPGSQMVEASLS
             VRHPEYNRPLLANDLMLIKLDESVSESDTIRSISASQCPTAGNSCLVSGWGLLANGR
             MPTVLQCVNVSVVSEEVCSKLYDPLYHPSMFCAGGHDQKDSCNGDSGGPLICNGYLQ
             GLVSFGKAPCGQVGVPGVYTNLCKFTSWIEKTVQAS"

gene         complement(<131301..>140303)
             /gene="KLK5"
             /note="synonym: SCTE"

mRNA         complement(join(<131301..131456,136310..136443,
             136529..136785,137525..137690,140255..>140303))
             /gene="KLK5"
             /product="stratum corneum trypsin-like serine protease"

CDS          complement(join(131301..131456,136310..136443,
             136529..136785,137525..137690,140255..140303))
             /gene="KLK5"
             /codon_start=1
             /product="stratum corneum trypsin-like serine protease"
             /protein_id="AAG33358.1"
             /db_xref="GI:11244763"
             /translation="MWVLCALITALLGVTDARSDDSSSRIINGSDCDMTQPWQAAL
             LLRPNQLYCGAVLVHPQWLLTAAHCRKKVFRVRLGHYSLSFPVYESGQQMFQGVKSIPH
             PGYSHPGHSNDLMLIKLNRRIRPTKDVRPINVSSHCPSAGTKCLVSGWGTTKSPQVHF
             PRVLQCLNISVLSQKRCEDAYRPQIDDTMFCAGDKAGRDSCQGDSGGPVVCNGSLQGL
             VSWGDYPCARPNRPGVYTNLCKFTKWIQEITQANS"

mRNA         complement(join(<146834..146986,149628..149764,
             151186..151433,155052..155208,155948..>155987))
             /gene="M"
             /product="protease M"

CDS          complement(join(146834..146986,149628..149764,
             151186..151433,155052..155208,155948..155987))
             /note="serine protease; also called neurosin or zyme"
             /codon_start=1
             /product="protease M"
             /protein_id="AAG33359.1"
             /db_xref="GI:11244764"
             /translation="MKKLMVVLSLIAAAWAEEQNKLVHGGPCDKTSHPYQAALYTSGH
             LLCGGVLIHPLWVLTAAHCKKPNLQVFLGKNNLRQRESSQEQSSVVRAVIHPDYDAAS
             HDQDIMLRLARPAKLSELIQPLPLERDCSANTTSCHILGWGKTADQDFPDTIQCAYI
             HLVSRECEHAYPGQITQNMLCAGDEKYGKDSCQGDSGGPLVCDGDHLRGLVSWGNIPC
             GSKEKPGVTNVCRYTNWIQKTIQAK"

gene         complement(<165420..>170283)
             /gene="KLK7"
             /note="synonym: SCCE"

mRNA         complement(join(<165420..165575,167672..167808,
             168124..168371,169651..169798,170211..>170283))
             /gene="KLK7"
             /product="stratum corneum chymotryptic enzyme"

CDS          complement(join(165420..165575,167672..167808,
             168124..168371,169651..169798,170211..170283))
             /gene="KLK7"
             /note="serine protease"
             /codon_start=1
             /product="stratum corneum chymotryptic enzyme"
             /protein_id="AAG33360.1"
             /db_xref="GI:11244765"
             /translation="MARSLLLPLQILLLSLALETAGEEAQGDKIIDGAPCARGSHPWQ
             VALLSGNQLHCGVLVNERWVLTAAHCKMNEYTVHLGSDTLGDRRAQRIKASKSFRHP
             GYSTQTHVNDLMLVKLNSQARLSSMVKKVRLPSRCEPPGTTCTVSGWGTTTSPDVTFP
             SDLMCVDVKLISPQDCTKVYKDLLENSMLCAGIPDSSKKNACNGDSGGPLVCRGTLQGL
             VSWGTFPCGQPNDPGVYTQVCKFTKWINDTMKKHR"

mRNA         complement(join(<183943..184098,185635..185768,
             187865..188127,188293..188452,188967..>189036))
             /product="neuropsin"

CDS          complement(join(183943..184098,185635..185768,
             187865..188127,188293..188452,188967..189036))
             /note="serine protease; also called ovasin"
             /codon_start=1
             /product="neuropsin"
             /protein_id="AAG33361.1"
```

```
                    /db_xref="GI:1124766"
                    /translation="MGRPRRAAKTWMFLLLGGAWAGHSRAQEDKVLGGHECQPHSQ
                    PWQAALFQQQLLCCGVLVGGNWVLTAAHCKKPKYTVRLGDHSLQNKDGPEQDIPVVQ
                    SIPHPCYNSSDVEDHNHDMLMLQLRDQASIGSKVKPISLADHCTQPGGKCTVSGWGTV
                    TSPRENFPDTLNCAEVKIFPQKKCEBDAYPGQITDGMVCAGSSKGADTCCGDSGGPLVC
                    DGAIQGITSWGSDPCGRSDKPGVVTNICRYLDWIKKIIGSKG"

mRNA                complement(join(<190980..191573..191709,
                    194324..194589,197048..197204,197370..>197412))
                    /product="kallikrein-like 3"

CDS                 complement(join(190980..191573..191709,
                    194324..194589,197048..197204,197370..197412))
                    /note="serine protease"
                    /codon_start=1
                    /product="kallikrein-like 3"
                    /protein_id="AAG33362.1"
                    /db_xref="GI:1124767"
                    /translation="MKLGLLCALLSLLAGHGWADTRAIGAEECRPNSOPWQAGLFHLT
                    RLFCGATLLSDRWLLTAAHCRKPYLWVRLGEHHLWKEWEGPEQLFRVTDFFPHFGFNKD
                    LSANDHNDDIMLIRIPRQARLSPAVQPLNLSQTCVSPGMOCLISGWGAVSSPKALFPV
                    TLQCANISILENKLCHWAYPGHISDSMLCAGLWBGGRGSCQGDSGGPLVCNGTLAGVV
                    SGGAEPCSRPRRPAVYTSVCHYLDWIQEIMEN"


Query Match    75.4%;   Score 2750;   DB 9;   Length 230000;
Best Local Similarity   99.6%;   Pred. No. 0;
Matches 3520;   Mismatches  0;   Conservative 13;   Indels  1;   Gaps  1;
```

```
Qy      1  GGCCCTCAATATTGTTAAGAGTGTAAATGTCCAAGATGGAAAATGTTGAGAACTA    60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55067  GGCCCTCAATATTGTTAAGAGTGTAAATGTCCAAGATGGAAAATGTTGAGAACTA 55126

Qy     61  CTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTTCTGGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT   120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55127  CTGTCCCAGAGATTTTCCTGAGTTCTGGAGTGTGGGAATATAGAACCTGGAGCTTGGCTT 55186

Qy    121  CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGCTGGCTTGGCTTCAGCCTAGAAGCTGTGG   180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55187  CTTCAGCCTAGAATCAGGAGTATGGGGCTGAAGCTGGCTTCAGCCTAGAAGCTGTGG 55246

Qy    181  GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTGCGACTGTGATTGGGGTTTGGTATTTGC   240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55247  GTTGGCTTCCGGAGCACATATTGACATGTGCGACTGTGATTGGGGTTTGGTATTTGC 55306

Qy    241  TCTGAATCCTAATGTGTCGTCCTTGAGCCATCCAGAATCTGAAATCTGTGTGGTCAGAATCT   300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55307  TCTGAATCCTAATGTGTCGTCCTTGAGCCATCCAGAATCTGAAATCTGTGTGGTCAGAATCT 55366

Qy    301  ATTATCTGAGTAGGAGGACATCCTGGTTCTCCGGTTCTTCGGCTTCGAGTCTGTAGT   360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55367  ATTATCTGAGTAGGAGGACATCCTGGTTCTCCGGTTCTTCGGCTTCGAGTCTGTAGT 55426

Qy    361  CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTGGTCCATGTTT   420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55427  CAGTGACCCGGTCTGGCATTCAACTTCATATACAGTGGGCTATCTTTGGTCCATGTTT 55486

Qy    421  CAACCAAACACCGAATAAACCATTAGAAACCTTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA   480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55487  CAACCAAACACCGAATAAACCATTAGAAACCTTTCCCACTTCCCTAGCTGCAATGTTAA 55546

Qy    481  ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAACTTTACAT   540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55547  ACCTAGGATTTCTGTTTAATAGGTTCATATGAATAATTCAGCCTGATCCAACTTTACAT 55606

Qy    541  TCCTTCACGGTTATCTCACACCCACTTAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT   600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55607  TCCTTCACGGTTATCTCACACCCACTTAAAATGCATTCCCAATATATTCCCTGGATT 55666

Qy    601  CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTGCATTAGTTGCATTAACATACCTGATTTA   660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55667  CTACCTATATATGGTAATCCTGGCTTTGCCAGTTGCATTAGTTGCATTAACATACCTGATTTA 55726

Qy    661  CATTCTTTTACTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCGCAGAGTCTTGCAGAGTTCTCAAGA   720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55727  CATTCTTTTACTTAAAGTGGAAATAAGAGTCCCTCGCAGAGTCTTGCAGAGTTCTCAAGA 55786
```

```
Qy    721  TGGCCCTTACTTCTGCACATCAATTGAGATTCAAGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT   780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55787  TGGCCCTTACTTCTGCACATCAATTGAGATTCAAGGAGTCGCCAAGATCATCCTCAGGT 55846

Qy    781  TCAGTGATTGCTGGTAGCCTCATATAAGTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG   840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55847  TCAGTGATTGCTGGTAGCCTCATATAACTCAATGAAAGCTGTTATGCTCATGGCTATGG 55906

Qy    841  TTTATTACAGCAAAGAAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGCAAA   900
           |||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55907  TTTATTACAGCAAAGAAATAGAGATGAAAATCTAGCAAGGGAAGAGTTGCATGGGCAAA 55966

Qy    901  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTTCTCCCAGTGTGTCATGGAAA   960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  55967  GACAAGGAGAGCTCCAAGTGCAGAGATTCCTGTTGTTTTCTCCCAGTGTGTCATGGAAA 56026

Qy    961  GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATAAATATTCAGTGTATTGCAATCAGGGAAC  1020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56027  GCAGTATCTTCTCCATACAATGATGTGTGATAAATATTCAGTGTATTGCAATCAGGGAAC 56086

Qy   1021  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTGACCACCTTCATGG  1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56087  TCAACTGAGCCTTGATTATATTGGAGCTTGGTTGCACAGACATGTGACCACCTTCATGG 56146

Qy   1081  CTGAACTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCAACATT  1140
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56147  CTGAACTTAGTACTTAGCCCCTCCAGACGTCTACAGCTGATAGGCTGTAACCAACATT 56206

Qy   1141  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG  1200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56207  GTCACCATAAATCACATTGTTAGACTATCCAGTGTGGCCCAAGCTCCCGTGTAAACACAG 56266

Qy   1201  GCACTTCTAAACAGGCAGGATATTCAAAAGTTCAAAAGTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC  1260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56267  GCACTTCTAAACAGGCAGGATATTCAAAAGTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGC 56326

Qy   1261  AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACCGGCTGATAGGTTGGTATTTGC  1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56327  AAAGACCTGGCCTCTTGGGCAAGGAGAATCCTTTACTGCACACTCTCCTTCACAGGGTT 56386

Qy   1321  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTCATGTGCTAACATTGCTAACATGGCACACCAGA  1380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56387  ATTGTGAGGATCAAATGTGGTCATGTCGTGCTAACATGCTAACATGGCACACCAGA 56446

Qy   1381  GTGACTTCATGTGTGCTAACATTGCTAACATGCTGTGGTCAGGATGGCATGGCCTTCAG  1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56447  GTGACTTCATGTGTGCTAACATTGCTAACATGCTGTGGTCAGGATGGCATGGCCTTCAG 56506

Qy   1441  CACTCACAGATGCCATCATCATAATCCTCACAACATGGGGTGGGCACTACTAGCCCTC  1500
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56507  CACTCACAGATGCCATCATCATAATCCTCACAACATGGGGTGGGCACTACTAGCCCTC 56566

Qy   1501  ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT  1560
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56567  ATTTGACAGAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCT 56626

Qy   1561  GGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGAGAATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG  1620
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56627  GGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGAGAATTGTCTGCAGAGAAATTATGGCTGG 56686

Qy   1621  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCATCATAATCTTCAGATCTTGACT  1680
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56687  ATGTCTCTGCCCCGGAAAGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCATCATAATCTTCAGATCTTGACT 56746

Qy   1681  TTGAGGTTATCTGCAGATTCTCTATGATCTCTATGATCTCTGTGTCC  1740
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56747  TTGAGGTTATCTGCAGATTCTCTATGATCTCTATGATCTCTGTGCCC 56806

Qy   1741  TCTCCCCTTCCTCAGTCCTTCCTCAGTCTTCCTCAGTCGCCATCTTCCCAGTCTGGCCAGGTG  1800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  56807  TCTCCCCTTCCTCAGTCCTTCCTCAGTCGCCATCTTCCCAGTCTGGCCAGGTG 56866
```

```
Qy    1801 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAGAAA 1860
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   56867 TAGCCACAGTACCTAACTCTTTGCAGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAG-AAA 56925

Qy    1861 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAAACACATAAGCTAACCTG 1920
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   56926 AAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAAACACATAAGCTAACCTG 56985

Qy    1921 CCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 1980
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   56986 CCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTAC 57045

Qy    1981 CCACAGTCAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCAATT 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57046 CCACAGTCAAGGAGGCAGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCAATT 57105

Qy    2041 CATATGGGATGATCAGAGACGTTCAGTGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57106 CATATGGGATGATCAGAGACAGTTCAGTGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAG 57165

Qy    2101 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGGAAGTACTAGACAAACTTGTCCAGTCTT 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57166 CAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGGAAGTACTAGACAAACTTGTCCAGTCTT 57225

Qy    2161 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTCTCTGGAGAA 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57226 TGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTCTCTGGAGAA 57285

Qy    2221 CATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTGTAAAATAGACGTTAACTTT 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57286 CAATATTGTATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTGTAAAATAGACGTTAACTTT 57345

Qy    2281 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAACGGCATCATCTTGCAAGGCTATCT 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57346 ATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAACGGCATCATCTTGCAAGGCTATCT 57405

Qy    2341 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCCTTTGCT 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57406 GCTGTACAAATATGCTTGAAAAGATGTCCAGAAAAGAAAACGTATTATTGCCTTTGCT 57465

Qy    2401 CAGAAGACACACAGAAAACATAAGAGAACCATGAGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 2460
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57466 CAGAAGACACACAGAAAACATAAGAGAACCATGAGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCC 57525

Qy    2461 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGTCGAGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 2520
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57526 AGAGCCTTCCACTCTTGTCTGTCGAGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCA 57585

Qy    2521 CATCTGCTTCACCGTGCTGCCTAACCAAGATTTCTAGTCCCAGTTCCCACCATGTTTGGCA 2580
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57586 CATCTGCTTCACCGTGCTGCCTAACCAAGATTTCTAGTCCCAGTTCCCACCATGTTTGGCA 57645

Qy    2581 GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGACGTGTCTAGAATTCCGAGGGGGACATGGGTGG 2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57646 GTGCCCACTGCCAACCCAGAATAAGGACGTGTCTAGAATTTCGAGGGGGACATGGGTGG 57705

Qy    2641 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGACTACTCCTGGGTTCCGAAGGAGG 2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57706 GGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGACTACTCCTTGGTTCCGAAGGAGG 57765

Qy    2701 AAGAGGCTGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAGGAATGTCGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57766 AAGAGGCTGAGGTGAATGTCCTTGGAGGAGGGGAGGAATGTCGGGTTCTGAACTCTTAAATCC 57825

Qy    2761 CCAAGGGAGGAGGACTGGTAAGGTCCCGAGCTTCCGAGTACGACGTGGGAATGGCCTGAG 2820
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57826 CCAAGGGAGGAGGACTGGTAAGGTCCCGAGTCCGAGTACGACGTGGGAATGGCCTGAG 57885

Qy    2821 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 2880
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57886 AGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGC 57945

Qy    2881 AGGGGTTTGTTAGTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 2940
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   57946 AGGGGTTTGTTAGTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCTGGGAAGCAAGGACTGGAACCATT 58005

Qy    2941 GGCTCCAGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCTGATTCTGAATTCTCAAAGGTCAGAGGACT 3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58006 GGCTCCAGGTTTGGTGTGAAGGTAATGGGATCTGATTCTGAATTCTCAAAGGTCAGAGGACT 58065

Qy    3001 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTGATCTTCATCTACTCCTTGAGGTAATCACC 3060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58066 GAGAGTTGCCCATGCTTGATCTTGATCTTCATCTACTCCTTGAGGTAATCACC 58125

Qy    3061 TACTCTTCAGTTCCACAAGAGTGCGCCTGCGCGCCGAGTATAATCTGCACATGTCCATGTC 3120
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58126 TACTCTTCAGTTCCACAAGAGTGCGCCTGCGCGCCGAGTATAATCTGCACATGTCCATGTC 58185

Qy    3121 CCGAGGGCTGGGGCATCATCAGCATCTGCACTATGCGGGGGCAGGGCGG 3180
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58186 CCGAGGGCTGGGGCATCATCAGCATCTGCACTATGCGGGGGCAGGGCGG 58245

Qy    3181 CGCCATGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGGCGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 3240
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58246 CGCCATGACGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGGCGCCTCTCCCGTCACGTCCCAA 58305

Qy    3241 CCATGGAGCTGTGGACGTGCGTCCCCGTGTGATGTGGCCTGCGCGGTGTGCAGGGCGGGG 3300
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58306 CCATGGAGCTGTGGACGTGCGTCCCCGTGTGATGTGGCCTGCGCGGTGTGCAGGGCGGGG 58365

Qy    3301 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58366 CCTGGTGTCCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGACTGAAAGGTGCTAGAGAA 58425

Qy    3361 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGGCACAGGAGCCT 3420
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58426 TGGCCATATGTCGCTGTCCATGAAATTCAAGGACTTCTGGGTGGAGGGCACAGGAGCCT 58485

Qy    3421 GAACTTACGGGTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 3480
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58486 GAACTTACGGGTTGCCCCAGTCCACTGTCCTCCCAAGTGAGTCTCCCAGATACGAGGCA 58545

Qy    3481 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCAGG 3534
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   58546 CTGTGCCAGCATCAGCTTCATCTGTACCACATCTTGTAACAGGGACTACCAGG 58599
```

```
RESULT 11
AC037199
LOCUS       AC037199               34560 bp    DNA     linear   PRI 13-NOV-2002
DEFINITION  Homo sapiens chromosome 19, cosmid R33359 (LLNL-R_296D3), complete
            sequence.
ACCESSION   AC037199
VERSION     AC037199.2  GI:24942884
KEYWORDS    HTG.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 34560)
  AUTHORS
  TITLE     DOE Joint Genome Institute and Stanford Human Genome Center.
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 34560)
  AUTHORS   Lamerdin,J.E.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (08-APR-2000) Joint Genome Institute, Lawrence Livermore
            National Laboratory, 7000 East Ave., Livermore, CA 94551, USA
REFERENCE   3  (bases 1 to 34560)
  AUTHORS
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (13-NOV-2002) DOE Joint Genome Institute, 2800 Mitchell
            Drive, Walnut Creek, CA 94598, USA
COMMENT     On Nov 13, 2002 this sequence version replaced gi:7527775.
            NOTE: This insert is not the entire sequence of the clone (entire
            sequence is 42kb). It is clipped at the overlap with AC011483. The
```

```
FEATURES     number of bases overlapped is 8570.
             Location/Qualifiers
source       1..34560
             /organism="Homo sapiens"
             /mol_type="genomic DNA"
             /db_xref="taxon:9606"
             /chromosome="19"
             /clone="R33359"
ORIGIN

Query Match        44.6%;   Score 1626;   DB 9;   Length 34560;
Best Local Similarity   99.5%;   Pred. No. 0;
Matches 2196;   Conservative   0;   Mismatches   9;   Indels   1;   Gaps   1;
```

```
Qy  1329 GATCAAATGTGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGAGAGTGACTTC 1388
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1 GATCAAATGTGTCATGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGAGAGTGACTTC   60

Qy  1389 TATGTGTGCTAACATTCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAGCACTCACA 1448
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    61 TATGTGTGCTAACATTCTGAGTGCTAAGAAGTATTAGGCATGGCTTTCAGCACTCACA  120

Qy  1449 GATGCTCATCTAATCCTCACACACATGCTACAGGGTGGGCACTACAGCCTCATTTGACA 1508
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 GATGCTCATCTAATCCTCACACACATGCTACAGGGTGGGCACTACAGCCTCATTTGACA  180

Qy  1509 GAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCTGGATGCAA 1568
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 GAGGAAAGGACTGTGATAAGAAGGGGGTGACCAATAGTCAGAGTCATTCTGGATGCAA  240

Qy  1569 GGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATATGGCTGGATGTCTCT 1628
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 GGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAATATGGCTGGATGTCTCT  300

Qy  1629 GCCCCCGGAAAGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACTTTGAGGTT 1688
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 GCCCCCGGAAAGGGGGATGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGACTTTGAGGTT  360

Qy  1689 ATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTGTGTCCTCTCCCCT 1748
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 ATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATCTCTGTGTCCTCTCCCCT  420

Qy  1749 TCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCCCAGCTCCCAGCGTGTAGCCACA 1808
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 TCCTCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCCCAGCTCCCAGCGTGTAGCCACA  480

Qy  1809 GTACCTAACTCTTGCGAGAGAACTATAAATGTGTATCTACAGGGGGAGAAAAAAAAAG 1868
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db   481 GTACCTAACTCTTGCGAGAGAACTATAAATGTGTATCTACAGGGGGAG-AAAAAAAAG  539

Qy  1869 AACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGTAACCTGCCAGTTTT 1928
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   540 AACTCTGAAAGAGCTGACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGTAACCTGCCAGTTTT  599

Qy  1929 GTGCTGGTGAGACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAGATTTTATTACCCACAGCT 1988
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   600 GTGCTGGTGAGACTCATGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAGATTTTATTACCCACAGCT  659

Qy  1989 AAGGAGGCAGCAGTCAGGTGGATGACAGACAGGGGTTGTGTGCAAAGGGTTGTGGCAACCTAG 2048
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   660 AAGGAGGCAGCAGTCAGGTGGATGACAGACAGGGGTTGTGTGCAAAGGGTTGTGGCAACCTAG  719

Qy  2049 ATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGATGGACAGACAGGGGTTGTGGCAAGGTGAGCAACCTAG 2108
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   720 ATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGATGGACAGACAGGGGTTGTGGCAAGGTGAGCAACCTAG  779

Qy  2109 GCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTGTATCTG 2168
         ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db   780 GCTTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGGTACCAGCAAACTTGTCCAGTCTTGTATCTG  839

Qy  2169 ACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGAACATATTGT 2228
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   840 ACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTACTCTGGAGAACATATTGT  899
```

```
Qy  2229 ATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAATTATTATCTA 2288
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   900 ATTTATTGTCCTGAACAGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAATTATTATCTA  959

Qy  2289 AGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAGGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCTGCTGTACA 2348
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   960 AGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAGGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCTGCTGTACA 1019

Qy  2349 AATATGTCTGAAAAGATGTCCAGAAAGAAAAACGGTATTATTGCCTTTGCTCAGAGAGAC 2408
         |||||| |||||||||| ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||
Db  1020 AATATGCTTGAAAAGATGGTCCAGAAAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTTTGCTCAGAAGAC 1079

Qy  2409 ACACAGAAACATAAGAGACCATGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCCAGGCCTT 2468
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1080 ACACAGAAACATAAGAGACCATGAAAATTGTCTCCCAACACTGTTCACCCAGGCCTT 1139

Qy  2469 CCACTCTTGTCTGCGAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCACATCTGGC 2528
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1140 CCACTCTTGTCTGCGAGGACAGTCTTAACATCCCATCATTAGTGTGTCTACCACATCTGGC 1199

Qy  2529 TTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAGTTCCCACCATGTTTGGCAGTGCCCCA 2588
         ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1200 TTCACTGTGCCTAACCAAGATTTCTAGGTCCAGTTCCCACCATGTTTGGCAGTGCCCCA 1259

Qy  2589 CTGCCAACCCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCGAGGGACATGGGTGGGGATCAGA 2648
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1260 CTGCCAACCCCAGAATAAGGGAGTGCTCAGAATTCGAGGGACATGGGTGGGGATCAGA 1319

Qy  2649 ACTTCTGGGCTTGAGTGCTCAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCGAAGGAGGAAGAGGCT 2708
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1320 ACTTCTGGGCTTGAGTGCTCAGAGGGGGCCCATACTCCTTGGTTCGAAGGAGGAAGAGGCT 1379

Qy  2709 GGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAATGTGGGTTCTGAACTCTAAATCCTCAAGGGA 2768
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db  1380 GGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGGAATGTGGGTTCTGAACTCTTAAATCCTCAAGGGA 1439

Qy  2769 GGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTGGGAATGGCTTGACGTGGGAGAGGTCTAA 2828
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1440 GGAGACTGGTAAGGTCCCAGCTTCCGAGTGGGAATGGCTTGACGTGGGAGAGGTCTAA 1499

Qy  2829 GAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGCAGGGGTTT 2888
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1500 GAATCCCGTATCCTCGGGAAGGAGGGGCTGAAATTGTGAGGGGTTGAGTTGCAGGGGTTT 1559

Qy  2889 GTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGAGAGTTGGCTCCAG 2948
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db  1560 GTTAGCTTGAGACTCCTTGGTGGGTCCCTGGGAAGCAAGGACTGAGAGTTGGCTCCAG 1619

Qy  2949 GGTTTGGTGTGAAGTAATGGAATCCTGATTCTCAAGGGTCAGAGGACTGAGAGTTG 3008
         |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Db  1620 GGTTTGGTGTGAAGTAATGGAATCCTGATTCTCAAAGGGTCAGAGGACTGAGAGTTG 1679

Qy  3009 CCCATGCTTTGATCTTCCATCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACCTACTCTTC 3068
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1680 CCCATGCTTTGATCTTCCATCTACTCCTTACTCCACTTGAGGGTAATCACCTACTCTTC 1739

Qy  3069 TAGTTCCACAAGAGTGCGCCCTGCGCCCCCAATTCATATGGG 3128
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1740 TAGTTCCACAAGAGTGCGCCCTGCGCCCCCAATTCATATGGG 1799

Qy  3129 TGGGGCATCATCCACTCATTCAGCATCTGCGCTATGCGGGCCGAGGCCCATGA 3188
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1800 TGGGGCATCATCCACTCATTCAGCATCTGCGCTATGCGGGCCGAGGCCCATGA 1859

Qy  3189 CGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGCGCCTCCCGTCACGTCCAACCATGGAG 3248
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1860 CGTCATGTAGCTGCGACTATCCCTGCAGCGCGCCTCCCGTCACGTCCAACCATGGAG 1919

Qy  3249 CTGTGGACGTGCGTCCCCTGGTGAGTGGACCTGCGTCCCGTGGTGCCCAGGCCGGGGCCTGGTGT 3308
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1920 CTGTGGACGTGCGTCCCCTGGTGAGTGGACCTGCGTCCCGTGGTGCCCAGGCCGGGGCCTGGTGT 1979
```

```
Qy   3309 CCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGAAACCAGGAAACCAGGAAAGTGCTAGAGAATGGCCATA 3368
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1980 CCGATAAAGATCCTAGAACCACAGGAAACCAGGAAACCAGGAAACCAGGAAAGTGCTAGAGAATGGCCATA 2039

Db    181 GAGCTTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTACTGCACACTCTCC 240

Qy   1310 TTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGGTGTCATGTGTGTGAGACACAGCACATGTCT 1369
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGGTGTCATGTGTGTGAGACACAGCACATGTCT 300

Qy   1370 GGCTGTGGAGAGTGACTTCATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGC 1429
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 GGCTGTGGAGAGTGACTTCATGTGTGCTAACATTGCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGC 360

Qy   1430 ATGGCTTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGCA 1489
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGGCTTTCAGCACTCACAGATGCTCATCTAATCCTCACAACATGGCTACAGGGTGGCA 420

Qy   1490 CTACTAGCCTCATTGACAGAGGAAAGGACTGTGGATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTC 1549
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CTACTAGCCTCATTGACAGAGGAAAGGACTGTGGATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTC 480

Qy   1550 AGAGTCATTCTGGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAA 1609
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 AGAGTCATTCTGGATGCAAGGGGCTCCAGAGGACCATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAA 540

Qy   1610 ATTATGGCTGGATGTCTCTGCCCCGGAAGGGGATGGCACTTTCCTTGACCCCTATCTC 1669
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 ATTATGGCTGGATGTCTCTGCCCCGGAAGGGGATGGCACTTTCCTTGACCCCTATCTC 600

Qy   1670 AGATCTTGACTTTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATC 1729
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AGATCTTGACTTTGAGGTTATCTCAGACTTCCTCTATGATACCAGGAGCCCATCATAATC 660

Qy   1730 TCTCTGTGTCCCTCCCCTTCCCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCCATCCTCCCAG 1789
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 TCTCTGTGTCCCTCCCCTTCCCAGTCTTACTGCCCACTCTTCCCAGCTCCATCCTCCCAG 720

Qy   1790 CTGGCCAGTGAGCCACAGTAGCTTCTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTAC 1849
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 CTGGCCAGTGAGCCACAGTAGCTTCTTGCAGAGAACTATAAATGTATCCTAC 780

Qy   1850 AGGGGAGAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACAT 1909
          ||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AGGGGAG-AAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTGACATTTACCGACTTGCAAACACAT 839

Qy   1910 AAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGGGCAAA 1969
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    840 AAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGTAGAACTCATGAGACTCCTGGGTCAGGGCAAA 899

Qy   1970 GATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTTCACTTT 2029
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    900 GATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAACTTGTGTTCACATTTGTTCACTTT 959

Qy   2030 GCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGACACAGGGTTTGTG 2089
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    960 GCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTCAGGTGGACACAGGGTTTGTG 1019

Qy   2090 GCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTAGGCTAGAAGTACTAGCAAACT 2149
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1020 GCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTAGGCTAGAAATCCTCAATCTTATAAGAAGTACTAGCAAACT 1079

Qy   2150 TGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTA 2209
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1080 TGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTATCTTTATAATTGGGTTGAAAGCAGACCTA 1139

Qy   2210 CTCTGGAGGAACAATATTGTTATTGTTGTCCTGAAACAGTGAAACAAATCTGCTGTAAATAG 2269
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1140 CTCTGGAGGAACAATATTGTTATTGTTGTCCTGAAACAGTGAAACAAATCTGCTGTAAATAG 1199

Qy   2270 ACGTTAACTTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCTTG 2329
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1200 ACGTTAACTTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATCTGAAGGCGATACCATCTTG 1259

Qy   2330 CAAGGCTATCCTGCTGTACAAATATGCTGAAAAGATGGTTCCAGAAAAGAAAACGGTATTA 2389
```

RESULT 12
AF174646

LOCUS   AF174646   5002 bp   DNA   linear   PRI 16-NOV-2000
DEFINITION Homo sapiens glandular kallikrein gene, promoter region and partial
            sequence.
ACCESSION   AF174646
VERSION   AF174646.1 GI:9957030
KEYWORDS   .
SOURCE   Homo sapiens (human)
ORGANISM   Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1 (bases 1 to 5002)
AUTHORS   Mitchell,S.H., Murtha,P.E., Zhang,S., Zhu,W. and Young,C.Y.
TITLE   An androgen-response element mediates LNCaP cell dependent androgen
            induction of the hK2 gene
JOURNAL   Mol. Cell. Endocrinol. 168 (1-2), 89-99 (2000)
MEDLINE   20519385
PUBMED   11064155
REFERENCE   2 (bases 1 to 5002)
AUTHORS   Young,C.Y.F., Murtha,P.E. and Mitchell,S.H.
TITLE   Direct Submission
JOURNAL   Submitted (02-AUG-1999) Urology, Mayo Clinic/Foundation, 200 1st
            St. SW, Rochester, MN 55905, USA
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1..5002
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="19"
                     /map="19q13.2-q13.4"
     promoter   1..4786
                     /note="contains androgen-response element"
     mRNA   4787..>5002
                     /product="glandular kallikrein"
                     /note="expressed in prostate"
                     /evidence=not_experimental
ORIGIN

Query Match   37.6%; Score 1369; DB 9; Length 5002;
Best Local Similarity 99.6%;
Matches 1839; Conservative 0; Mismatches 7; Indels 1; Gaps 1;

```
Qy   1070 CACCTTCATGGCTGAACTTAGTACTTAGTACTTAGCCCCTTCCAGACGTCTCAGAGTCGATAGGCTGT 1129
          |||||||||||||||||||          |||||                 ||||||||||||||||||
Db      1 CACCTTCATGGCTGAACTTCTCAAGGACTTCTCAAGGACTTCTCACAGTCTCACAGTCGATAGGCTGT 60

Qy   1130 AACCCAACATTGTCACCATAAATCACAGGCAGATATTTCAAAAGTCAAAAGTCGCTGAAATAG 1189
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 AACCCAACATTGTCACCATAAATCACAGGCAGATATTTCAAAAGTCAAAAGTCGCTGAAATAG 120

Qy   1190 TGTAAACACAGGCACTCTAAACAGGCAGATATTTCAAAAGTCAAAAGACCTCCCAG 1249
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 TGTAAACACAGGCACTCTAAACAGGCAGATATTTCAAAAGTCAAAAGACCTCCTCAG 180

Qy   1250 GAGCTTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAGGAGAATCCTTACTGCACACTCTCC 1309
```

```
Db   121  GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT  180

Qy  1405  GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGAGAGAACCATGGAAAAATTGTCTCATCTAATCC  1464
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181  GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCATGAGAGAACCATGGAAAAATTGTCTCATCTAATCC  240

Qy  1465  TCACAACATGGCTACAGGGTGGCACTACTAGCTCATTGACAGAGGAAAGGACTGTGG  1524
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241  TCACAACATGGCTACAGGGTGGCACTACTAGCCTTAACATCCATCATTAG  300

Qy  1525  ATAAGAAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTTCAGTCCCAC  1584
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301  ATAAGAAGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTTCCAGTCCCAC  360

Qy  1585  ATGATTAGACATTGTCGCAGAGAAATTATGGCTGAGAGGG  1644
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361  ATGATTAGACATTGTCGCAGAGAAATTATGGCTGAGAGGG  420

Qy  1645  TGCACTTTCCTTGACCCCTATCTGACTTTGAGTTATCTCAGACTTCCTCT  1704
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421  TGCACTTTCCTTGACCCCTATCTGACTTTGAGTTATCTCAGACTTCCTCT  480

Qy  1705  ATGATACCCAGAGCCCATCATCATAATCCTGCGTGTCCTCCCCTCCAGTCTTACTGC  1764
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481  ATGATACCCAGAGCCCATCATCATAATCCTGCGTGTCCTCCCCTCCAGTCTTACTGC  540

Qy  1765  CCACTCTTCCCAGTCTCCAGCTGGCCAGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC  1824
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541  CCACTCTTCCCAGTCTCCAGCTGGCCAGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC  600

Qy  1825  AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAAGAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG  1884
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601  AGAGAACTATAAATGTGTATCCTACAGGGGAAGAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG  660

Qy  1885  ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAAGCTAACCTGCCAGTTTGTCTGTGAACTCA  1944
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661  ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAAGCTAACCTGCCAGTTTGTCTGTGAACTCA  720

Qy  1945  TGAGACTCCTGGGTCAGAGCGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAA  2004
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721  TGAGACTCCTGGGTCAGAGCGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAA  780

Qy  2005  CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC  2064
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781  CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC  840

Qy  2065  AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA  2124
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841  AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA  900

Qy  2125  TCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT  2184
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901  TCTTATAAGAAGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT  960

Qy  2185  TATAATTGGGTGAAAGCAGCAGACCTACATATTGTATTATTTGTCCTGGAAC  2244
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961  TATAATTGGGTGAAAGCAGCAGACCTACATATTGTATTATTTGTCCTGAAC  1020

Qy  2245  AGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTTATTATTCTAAGGCAGTAAGCAAACC  2304
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1021  AGTAAACAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTTATTATTCTAAGGCAGTAAGCAAACC  1080

Qy  2305  TAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTGTATCTGCTGTACAAATATGCTTGAAAGA  2364
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1081  TAGATCTGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTGTATCTGCTGTACAAATATGCTTGAAAGA  1140

Qy  2365  TGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTT  2396
          |||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1141  TGGTCCAGAAAAGAAAACGGTATTATTGCCTT  1172
```

```
Db  1260  CAAGGCTATCTGCTGTACAAATATGCTTGAAAGATGGTCAGAAAAGAAACGGTATTA  1319

Qy  2390  TTGCCTTTGCTGCTCAGAAGACACACAGAACCATAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAAC  2449
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1320  TTGCCTTTGCTGCTCAGAAGACACACAGAACCATAGAGAACCATGGAAAATTGTCTCCCAAC  1379

Qy  2450  ACTGTTCACCCAGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCGAGGACAGTCTTAACATCCATCATTAG  2509
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1380  ACTGTTCACCCAGAGCCTTCCACTCTTGTCTGCGAGGACAGTCTTAACATCCATCATTAG  1439

Qy  2510  TGTGTCTACCACATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTCTAGTCCAGTCCCAC  2569
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1440  TGTGTCTACCACATCTGGCTTCACCGTGCCTAACCAAGATTTTAGTTCCAGTCCCAC  1499

Qy  2570  CATGTTGGCAGTGCCCACTGCCAACCCAGAATTAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGG  2629
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1500  CATGTTGGCAGTGCCCACTGCCAACCCAGAATTAAGGGAGTGCTCAGAATTCCGAGGG  1559

Qy  2630  GACATGGGTGGGGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGT  2689
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1560  GACATGGGTGGGGATCAGAACTTCTGGGCTTGAGTGCAGAGGGGCCCATACTCCTTGGT  1619

Qy  2690  TCCGAAGGAGGAAGAGAGGTCTGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGAGGAATGTGGGTTCTGAA  2749
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1620  TCCGAAGGAGGAAGAGAGGTCTGAGGTGAATGTCCTTGGAGGGAGGAATGTGGGTTCTGAA  1679

Qy  2750  CTCTTAAATCCCCAAGGGAGGAGAGACTGGTAAGGTCCGAGCTTCCGAGGTACGTGGG  2809
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1680  CTCTTAAATCCCCAAGGGAGGAGAGACTGGTAAGGTCCGAGCTTCCGAGGTACGTGGG  1739

Qy  2810  AATGGCCTGAGAGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGAGGGGCTGAAATTGTGAGG  2869
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1740  AATGGCCTGAGAGGTCTAAGAATCCCGTATCCTCGGGAAGAGGGGCTGAAATTGTGAGG  1799

Qy  2870  GGTGAGTTGCAGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTCGGGTCCC  2916
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1800  GGTGAGTTGCAGGGGTTTGTTAGCTTGAGACTCCTTGGTCGGGTCCC  1846
```

```
RESULT 13
AR078696

LOCUS       AR078696                1172 bp    DNA     linear   PAT 31-AUG-2000
DEFINITION  AR078696 Sequence 6 from patent US 5964371.
ACCESSION   AR078696
VERSION     AR078696.1  GI:10005442
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1172)
  AUTHORS   McCabe,R.Paul.
  TITLE     Disposable reservoir for evaporative coolers
  JOURNAL   Patent: US 5964371-A 6 12-OCT-1999;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1172
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

Query Match             32.2%;  Score 1172;  DB 6;  Length 1172;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 1172;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy  1225  CAAAAGCTTAGAGATGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAG  1284
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1  CAAAAGCTTAGAGATGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCAAG  60

Qy  1285  GAGAATCCTTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGTTCAT  1344
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    61  GAGAATCCTTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGTTCAT  120

Qy  1345  GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT  1404
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
RESULT 14
AR078697
```

```
LOCUS       AR078697              1172 bp    DNA    linear    PAT 31-AUG-2000
DEFINITION  Sequence 7 from patent US 5964371.
ACCESSION   AR078697
VERSION     AR078697.1  GI:10005443
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1172)
  AUTHORS   McCabe,R.Paul.
  TITLE     Disposable reservoir for evaporative coolers
  JOURNAL   Patent: US 5964371-A 7 12-OCT-1999;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1172
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

Query Match             27.2%;  Score 993;  DB 6;  Length 1172;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches   993;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy   1225 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCCAAG 1284
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCCAAG   60

Qy   1285 GAGAATCCTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT 1344
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 GAGAATCCTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT  120

Qy   1345 GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT 1404
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT  180

Qy   1405 GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCTGGGGCACTACTAGCCTCATTGACAGAGGAAAGACTGTGG 1464
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCTGGGGCACTACTAGCCTCATTGACAGAGGAAAGACTGTGG  240

Qy   1465 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGTCAGAGTCAGAGGGGCTCCAGAGGACC 1524
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGTCAGAGTCAGAGGGGCTCCAGAGGACC  300

Qy   1525 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGGATGCAAATGGTCAAAGAGCTG 1584
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGGATGCAAATGGTCAAAGAGCTG  360

Qy   1585 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAACATATAGCTAACCTGCCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCA 1644
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGATTAGACATTGTCTGCAGAGAAACATATAGCTAACCTGCCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCA  420

Qy   1645 TGCACTTCCTTGACCCCATCCTCAGCTAAGGAGGCAGGCAGCATGAA 1704
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 TGCACTTCCTTGACCCCATCCTCAGCTAAGGAGGCAGGCAGCATGAA  480

Qy   1705 ATGATACCAGGAGGCCAATAGGTCAGAGTCATTCCTGTGCCCTCCCCTTCCAGTCTTACTGC 1764
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ATGATACCAGGAGGCCAATAGGTCAGAGTCATTCCTGTGCCCTCCCCTTCCAGTCTTACTGC  540

Qy   1765 CCACTCTTCCCAGCTCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCAGTGCACAGTACTCTTTGC 1824
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 CCACTCTTCCCAGCTCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCAGTGCACAGTACTCTTTGC  600

Qy   1825 AGAGAACTATAAATGTGATCGTATCCTACAGGGAGAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGACTGC 1884
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 AGAGAACTATAAATGTGATCGTATCCTACAGGGAGAAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGACTG  660

Qy   1885 ACATTTTACCGACTTGGCAAACACATAGCTAACCTGCCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCA 1944
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 ACATTTTACCGACTTGGCAAACACATAGCTAACCTGCCAGTTTTGTGCTGGTAGAACTCA  720

Qy   1945 TGAGACTCCTGGGTCAGAGGGCTCAGAGGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCCATGAA 2004
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TGAGACTCCTGGGTCAGAGGGCTCAGAGGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCCATGAA  780

Qy   2005 CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGTCACTTTGCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTC 2064
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGTCACTTTGCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTC  840

Qy   2065 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA 2124
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA  900

Qy   2125 TCTTATAAGAGAGTACTAGCAAACTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT 2184
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 TCTTATAAGAGAGTACTAGCAAACTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT  960

Qy   2185 TATAAATTGGGTTGAAAGCAGACAGACCTACTCTGGAG 2217
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TATAAATTGGGTTGAAAGCAGACAGACCTACTCTGGAG  993
```

```
RESULT 15
AR078698
LOCUS       AR078698              1172 bp    DNA    linear    PAT 31-AUG-2000
DEFINITION  Sequence 8 from patent US 5964371.
ACCESSION   AR078698
VERSION     AR078698.1  GI:10005444
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1172)
  AUTHORS   McCabe,R.Paul.
  TITLE     Disposable reservoir for evaporative coolers
  JOURNAL   Patent: US 5964371-A 8 12-OCT-1999;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1172
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

Query Match             27.2%;  Score 993;  DB 6;  Length 1172;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches   993;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy   1225 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCCAAG 1284
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 CAAAAGCTTAGAGATGACCTCCCAGGAGCTGAATGCAAAGACCTGGCCTCTTTGGGCCAAG   60

Qy   1285 GAGAATCCTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT 1344
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 GAGAATCCTTACCGCACACTCTCCTTCACAGGGTTATTGTGAGGATCAAATGTGGTCAT  120

Qy   1345 GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT 1404
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GTGTGTGAGACACCAGCACATGTCTGGCTGTGGAGAGTGACTTCTATGTGTGCTAACATT  180

Qy   1405 GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCTGGGGCACTACTAGCCTCATTGACAGAGGAAAGACTGTGG 1464
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 GCTGAGTGCTAAGAAAGTATTAGGCTGGGGCACTACTAGCCTCATTGACAGAGGAAAGACTGTGG  240

Qy   1465 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGTCAGAGTCAGAGGGGCTCCAGAGGACC 1524
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TCACAACATGGCTACAGGGTGGGCACTACTAGTCAGAGTCAGAGGGGCTCCAGAGGACC  300

Qy   1525 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGGATGCAAATGGTCAAAGAGACC 1584
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ATAAGAAGGGGGTGACCAATAGGTCAGAGTCATTCTGGATGCAAATGGTCAAAGAGACC  360

Qy   1585 ATGATTAGACATTGTCTGCGAGAAATATGGCTGGAAACTCA 1644
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGATTAGACATTGTCTGCGAGAAATATGGCTGGAAAGGGGA  420

Qy   1645 TGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGAGGTTATCTTGAGTTATCTCAGATCTTCCTCT 1704
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 TGCACTTTCCTTGACCCCCTATCTCAGATCTTGAGGTTATCTTGAGTTATCTCAGATCTTCCTCT  480
```

```
Qy  2311 TGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCTGCGTGTACAAATATGCTTGAAA 2361
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   153 TGAAGGCGATACCATCTTGCAAGGCTATCTGCGTGTACAAATATGCTTGAAA  203
```

Search completed: August 11, 2004, 01:15:47
Job time :13695 secs

```
Qy  1705 ATGATACCAGGAGCCCATCATATAATCTCTGTGTCCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGC 1764
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 ATGATACCAGGAGCCCATCATATAATCTCTGTGTCCTCCCCTTCCTCAGTCTTACTGC  540

Qy  1765 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC 1824
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 CCACTCTTCCCAGCTCCATCTCCAGCTGGCCAGGTGTAGCCACAGTACCTAACTCTTTGC  600

Qy  1825 AGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG 1884
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   601 AGAGAACTATAAATGTATCCTACAGGGGAGAAAAAAAAGAACTCTGAAAGAGCTG  660

Qy  1885 ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA 1944
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   661 ACATTTTACCGACTTGCAAACACATAAGCTAACCTGCCAGTTTGTGCTGGTAGAACTCA  720

Qy  1945 TGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAA 2004
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   721 TGAGACTCCTGGGTCAGAGGCAAAAGATTTTATTACCCACAGCTAAGGAGGCAGCATGAA  780

Qy  2005 CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC 2064
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   781 CTTTGTGTTCACATTTGTTCACTTTGCCCCCCAATTCATATGGGATGATCAGAGCAGTTC  840

Qy  2065 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGCGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA 2124
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   841 AGGTGGATGGACACAGGGGTTTGTGCGCAAAGGTGAGCAACCTAGGCTTAGAAATCCTCAA  900

Qy  2125 TCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATTATCTT 2184
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   901 TCTTATAAGAAGGTACTAGCAAACTTGTCCAGTCTTTGTATCTGACGGAGATATATCTT  960

Qy  2185 TATAATTGGGTTGAAAGCAGCAGACCTACTCTGGAG 2217
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   961 TATAATTGGGTTGAAAGCAGCAGACCTACTCTGGAG  993
```

RESULT 16
AX113818
```
LOCUS       AX113818                203 bp    DNA        linear    PAT 01-MAY-2001
DEFINITION  Sequence 64 from Patent WO0127256.
ACCESSION   AX113818
VERSION     AX113818.1  GI:13939984
KEYWORDS
SOURCE      synthetic construct
  ORGANISM  synthetic construct
            artificial sequences.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Wu,L., Carey,M.F. and Belldegrun,A.S.
  TITLE     Chimeric transcriptional regulatory element and methods for
            prostate-targeted gene expression
  JOURNAL   Patent: WO 0127256-A 64 19-APR-2001;
            The Regents of the University of California System (US)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..203
                     /organism="synthetic construct"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:32630"
                     /note="SYNTHETIC OLIGONUCLEOTIDE"
ORIGIN
```

Query Match   4.7%; Score 171; DB 6; Length 203;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3.8e-84;
Matches 171; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   0; Gaps   0;

```
Qy  2191 TGGGTTGAAAGCAGCAGACCTACTCTGGAGAACATATTGTATTTGTCCTGAACAGTAAA 2250
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    33 TGGGTTGAAAGCAGCAGACCTACTCTGGAGAACATATTGTATTTGTCCTGAACAGTAAA   92

Qy  2251 CAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATC 2310
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    93 CAAATCTGCTGTAAAATAGACGTTAACTTTATTATCTAAGGCAGTAAGCAAACCTAGATC  152
```

This Page Blank (uspto)